

Dosimetry Check

**Programme de contrôle de la distribution de dose
dans les plans de traitement en radiothérapie**

Version 3, Édition 8

24 Sept 2012

Math Resolutions, LLC

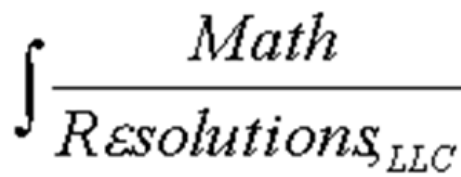
5975 Gales Lane

Columbia, Maryland 21045

Copyright 2000 - 2012 par Math Resolutions, LLC

Brevet américain 6.853.702

FDA 510K K010225, K101503



5975 Gales Lane
Columbia, MD 21045
www.MathResolutions.com
support@MathResolutions.com



CE 0473

Avertissement :

La loi fédérale (USA)
restreint la vente de cet
équipement à un médecin
ou sur ordonnance d'un
médecin



Dosimetry Check

FDA 510(k) K010225, K101503,
U.S. Patent 6,853,702



MediMark® Europe.
11 rue E. Zola
38100 Grenoble. France

Table des matières

Section 1	Introduction
Section 2	Dose de champ
Section 3	Jeu d'images primaires empilées: peau, densité
Section 4	Plan
Section 5	Faisceau
Section 6	Algorithme de dose
Section 7	Données relatives au faisceau
Section 8	Fichiers, utilitaires de test
Section 9	Téléchargement format RTOG
Section 10 ...	Téléchargement format Dicom-RT
Section 18 ...	Accord de licence (de System2100)

Sommaire

SECTION 1 : INTRODUCTION

INTRODUCTION	9
TACHES PROPOSEES PAR DOSIMETRYCHECK	9
Avertissement sur l'utilisation prévue :	11
MODE D'EMPLOI.....	11
Principes généraux de contrôle qualité.....	12
Rétroaction	12
Faillibilité humaine	12
Erreurs typiques possibles.....	12
Contrôle de Traitement.....	13
Avantages de cette méthode	13
Limites	13
Avertissement sur les limites :	13
Éventuels faux positifs : Erreurs courantes.....	14
Références	14
MESURE DES CHAMPS DE RAYONS X.....	15
EPID	15
Film à rayons X.....	15
Orientation du champ mesuré	16
Unités moniteur relatives (RMU)	17
Réalisation d'une courbe d'étalonnage pour un film	17
Ajustement d'échelle, Coin étalon en marches d'escalier ou dosimètre	17
Ajuster l'échelle de la courbe d'étalonnage	18
Dosimètre.....	18
Fabrication d'un coin étalon	18
Numériser un film	19
Taille de pixel	20
PROCEDURE DE RECALCUL DE DOSE	20
COMPARAISON DES RESULTATS.....	21
Avertissements relatifs aux résultats de contrôle non concordant :	21

Méthode gamma.....	21
Outils de comparaison.....	21
Différence algorithmiques.....	21
Procédures systématiques de comparaison des plans.....	22
Défaillances possibles de ce système de contrôle	22
<i>Avertissement, le programme ne teste que la dosimétrie :</i>	22
<i>Avertissement, paramètres d'entrée de champ :</i>	22
<i>Avertissement, comprendre quelle partie est contrôlée :</i>	23
JEUX D'IMAGES FUSIONNEES	23
Avertissement, jeux d'images fusionnées :	23

SECTION 2: DOSE DE CHAMP

INTRODUCTION	2
BARRE D'OUTILS <i>FIELD DOSE/FLUENCE</i>.....	4
LIRE UNE IMAGE DE CHAMP.....	5
DEFINIR LA POSITION DU CHAMP.....	6
Avertissement : Positionner convenablement le champ dans la de la source (BEV) :	8
AFFICHER LA VALEUR DE PIXEL.....	10
AFFICHER LA DOSE	11
CREER UNE COURBE D'ETALONNAGE	12
Nombre d'UM relatif	12
Dose.....	13
Signal par rapport à la dose.....	13
<i>Adapter les données.....</i>	15
<i>Attention, la courbe d'étalonnage doit couvrir le domaine du signal :.....</i>	17
Afficher le signal par rapport à la dose.....	18
Remettre à l'échelle la courbe d'étalonnage.....	18
Bandes d'échelonnage.....	19
<i>Étalonner une bande à échelons.....</i>	21
<i>Utiliser une bande à échelons.....</i>	22
CONVERTIR EN DOSE/FLUENCE	23
NORMALISER LE CHAMP	25
CREER UN FICHIER D'ETALONNAGE DE DOSIMETRIE	26
COMPOSER UNE IMAGE DE DOSE/FLUENCE A PARTIR D'IMAGES PARTIELLES	27
RESTREINDRE UNE ZONE.....	27

Composer une matrice de dose/fluence	28
AJOUTER OU MOYENNER LES IMAGES DE DOSE DE CHAMP/FLUENCE	29
COMBINER LES CHAMPS DE DOSE/FLUENCE.....	29
AFFICHER LA VALEUR DE CHAMP DE DOSE/FLUENCE	30
LIBELLE DE CHAMP.....	30
ENREGISTRER LE CHAMP DANS UN FICHIER.....	31
RECHARGER UN CHAMP.....	31
AFFICHER LES COURBES D'ISODOSE.....	31
COPIE PAPIER	31
FICHIERS	31

SECTION 3: JEU D'IMAGES PRIMAIRES EMPILÉES: PEAU, DENSITÉ

SPECIFIER LE JEU PRINCIPAL D'IMAGES EMPILÉES.....	1
Setting the skin boundaries (Définition de la limite de la peau)	1
Image pixel to density conversion (Conversion du pixel d'image en densité).....	1
<i>Show Scanner (Afficher scanner)</i>	<i>2</i>
<i>Select CT Number to Density Curve (Sélection de la courbe de conversion du CT NR en densité)..</i>	<i>2</i>
<i>Default CT Number to Density Curve (Courbe de conversion du nombre CT en densité par défaut)</i>	<i>3</i>
<i>Create/Edit Curve (Créer modifier la courbe).....</i>	<i>3</i>
<i>Enregistrer la courbe de conversion de densité</i>	<i>10</i>
<i>Afficher la courbe de conversion de la densité.....</i>	<i>11</i>
<i>Show Density (Afficher la densité)</i>	<i>13</i>
Set Density of ROI Structures (Définir la densité des structures ROI).....	14
Structures externes : Bolus, plateau de la table de traitement	15
<i>Modélisation du plateau de la table</i>	<i>15</i>
<i>Modélisation de la table et bolus dans les premières versions de DosimetryCheck</i>	<i>16</i>

SECTION 4: PLANS

MENU DEROULANT PLANS.....	1
Histogrammes Dose Volume	2
Barre d'outils Plan.....	4
<i>Menu déroulant Beams (Faisceaux).....</i>	<i>4</i>
<i>Menu déroulant Display (Affichage).....</i>	<i>4</i>
<i>Menu déroulant Calculate (Calculer)</i>	<i>5</i>
<i>Menu déroulant « Evaluate » (Évaluer)</i>	<i>11</i>

<i>Menu déroulant Options</i>	33
<i>Hardcopy (Copie papier)</i>	38
<i>Nombre de Fractions/Normalisation</i>	41

SECTION 5: FAISCEAU

BARRE D'OUTILS BEAM (FAISCEAU)	1
Move (Déplacer).....	1
<i>Move Isocenter (Déplacer l'isocentre)</i>	1
<i>Move Angles (Déplacer les angles)</i>	2
<i>Réglage de la profondeur et de la DSP</i>	4
<i>Assistance visuelle</i>	5
Options.....	5
<i>Lecture des fichiers de fluence RMU</i>	6
<i>Lecture des fichiers IMAT RMU</i>	7
<i>Sélection de l'espacement angulaire des images IMAT</i>	7
<i>Show Filed (Afficher le champ)</i>	8
<i>Show Field Information (Afficher les informations du champ)</i>	8
<i>New Fluence Images (Nouvelles images de fluence)</i>	8
<i>Computed Radiograph and BEV (DRR et BEV)</i>	8
Utilitaires	10
Fichier de géométrie de machine	10

SECTION 6: ALGORITHME DE DOSE

ALGORITHME DE DOSE	1
CREATION DU NOYAU	4
PROGRAMME GENERATEBEAMPARAMETERS	6
PROGRAMME COMPUTEPOLYCAFILES	6
REFERENCES	6
REMERCIEMENTS	7

SECTION 7: DONNEES RELATIVES AU FAISCEAU

DONNEES RELATIVES AU FAISCEAU	1
LE PROGRAMME GENERATEBEAMPARAMETERS	2
Ficher de description de la machine	2
Fichier de géométrie de machine	2

Liste des énergies de rayons X	4
Données du faisceau sur l'axe central	4
Liste de fichiers de l'axe central	5
Fichier Dmax.....	6
Fichier de débit de dose en fonction de la taille du champ	6
Fichier d'étalonnage.....	7
<i>Constante d'étalonnage</i>	8
Fichier du profil diagonal	8
Fichier du profil dans l'air	9
UTILITAIRES DE CONVERSION.....	10
Souris Windows dans la fenêtre de commande	11
Souris Linux dans la fenêtre de commande X terminal	12
Conversion des fichiers de Rendement en profondeur	12
Conversion des données du profil diagonal dans l'eau	14
<i>Un profil à la fois</i>	14
<i>Tableau en colonnes</i>	15
Conversion des profils diagonaux dans l'air.....	16
Autres fichiers	17
Une fois cela terminé.....	18
FICHIER DE RAPPORT DES DONNEES DE L'AXE CENTRAL	18

SECTION 8: FICHIERS, UTILITAIRES DE TEST

FICHIERS	1
Fichiers de la bibliothèque partagée.....	1
Fichier ressource XWindows.....	1
Les fichiers exécutables	1
Autres fichiers de données	1
Fichiers dans le répertoire de ressources.....	2
UTILITAIRES DE TEST	2

SECTION 9: TELECHARGEMENT RTOG

TELECHARGEMENT RTOG	1
Téléchargement à partir du système de planification	1
Programme ReadRtogCheck.....	1

Patient et Plans.....	2
Images CT	2
Plans additionnels.....	2
Les Faisceaux.....	3
Les Limitations	3
Délimitation de la peau.....	3
Exemple d'exécution.....	3

SECTION 10: TELECHARGEMENT FORMAT DICOM RT

READDICOMCHECK	1
LE PATIENT	2
AUTO READ CASE (LECTURE AUTOMATIQUE D'UN DOSSIER)	2
STACKED IMAGE SET (JEU D'IMAGES EMPILEES)	3
Conversion du nombre CT en densité	3
Regions of Interest [Régions d'intérêt] (ROI).....	4
Options	4
PLAN	4
FAISCEAUX	5
CONTOURING (CONTOURAGE).....	5
ENREGISTREMENT DES FICHIERS DICOM	5
DOSIMETRY CHECK	5

SECTION 18: ACCORD DE LICENCE

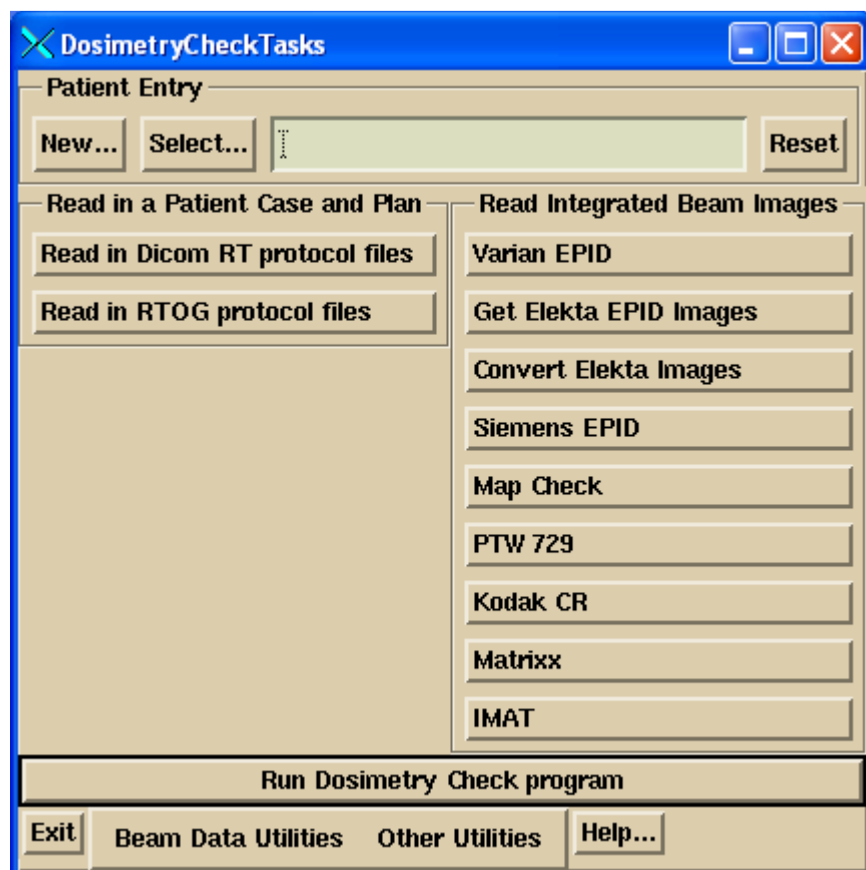
<i>CONTRAT DE LICENCE POUR LES LOGICIELS.....</i>	<i>1</i>
---	----------

INTRODUCTION

Ce manuel détaille le fonctionnement du programme « DosimetryCheck ». Il propose un mécanisme de rétroaction ou retour d'information pour contrôler la dosimétrie des champs de traitement par rayons X qui seront appliqués aux patients. Ceci se fait en mesurant chaque champ d'irradiation qui doit être appliqué, puis en recalculant la distribution de dose au patient à l'aide des champs mesurés utilisés comme données d'entrée pour définir chaque faisceau. Cette technique ne couvre pas les traitements avec les champs d'électrons.

Tâches proposées par DosimetryCheck

Le programme est activé en lançant le programme « DosimetryCheckTasks » illustré ci-dessous :



L'utilisateur a la possibilité soit de recréer le plan à contrôler ou le télécharger du système de planification (TPS), afin d'inclure les coupes scanner CT définies pour le plan. L'importation du plan peut se faire dans le protocole au format Dicom RT ou au format selon le protocole RTOG, ce dernier étant remplacé par le premier. Une procédure est lancée pour importer le plan sélectionné ci-dessus.

Si vous utilisez un dispositif fonctionnant en mode d'intégration pour mesurer les champs d'irradiation, les données résultantes des champs doivent être importées, normalisées et si possible, traitées pour convertir la dose en fluence. Des programmes distincts sont fournis pour lire les champs de faisceaux intégrés de différents types d'équipement et ils peuvent être sélectionnés à partir du programme « DosimetryCheck Tasks » susmentionnés. Les champs sont normalisés au centre d'un champ de 10x10 cm² de dimension avec un nombre d'unités moniteurs connues afin de pouvoir calculer la dose absolue. Pour un EPID et la plupart des équipements, une déconvolution est nécessaire pour convertir l'image intégrée en fluence. Le résultat du traitement est écrit dans des fichiers du répertoire du patient. Dosimetry Check lit ces fichiers de fluence et les associe automatiquement aux faisceaux respectifs si les noms de ces derniers sont composants des noms des fichiers de fluence.

Cette application est une surcouche du logiciel « System 2100 », un Système générique d'affichage d'image radiologique. Ici, les fonctions sont ajoutées au System 2100 sous le nom générique DosimetryCheck. Pour toutes les fonctions concernant l'affichage de l'image, le contour et la fusion d'images, se reporter au manuel du System 2100.

Avertissement sur l'utilisation prévue :

Ce système n'est pas prévu pour être utilisé comme un TPS, ni pour servir de système principal de planification de traitement par radiothérapie, mais comme mécanisme de rétroaction / retour d'information basé sur le double calcul indépendant de dose de traitement à partir des champs d'irradiation mesurés.

Mode d'emploi

Numéro 510(k) : K010225

Numéro CE : 966 CE

Nom du dispositif : Dosimetry Check

Mode d'emploi :

Ce produit doit être utilisé par un physicien en radiothérapie, un radiothérapeute et un technicien en dosimétrie, afin de vérifier la précision des champs de traitement par rayons X des machines de traitement à haute énergie qui sont ou ont été prévues pour une utilisation sur un patient. Ce produit doit être utilisé en plus du système de planification du traitement (TPS) afin de fournir un moyen de vérification additionnel et redondant garantissant que le plan est appliqué avec succès. Ce produit n'est pas un système de planification de traitement (TPS) et il ne doit pas être utilisé comme tel. Ce produit contrôle uniquement la dose délivrée en se basant sur la mesure de chaque champ de rayon X et un calcul théorique. Ce produit ne fournit pas d'assurance qualité que les champs sont appliqués correctement et convenablement alignés sur l'anatomie du patient, comme prévu. En outre, le produit peut être utilisé pour afficher la dose susmentionnée sur d'autres jeux d'images fusionnées susceptibles de fournir au radiothérapeute des informations cliniques concernant le traitement.

Considérations générales relatives à l'utilisation de ce programme

La possibilité de commettre des erreurs est inhérente à toute activité réalisée par des êtres humains. La radiothérapie présente des problèmes uniques en termes d'application de rayonnements ionisants sur des patients. Ces rayonnements ne peuvent pas être vus, entendus, sentis, ressentis ni goûtés, car aucun des cinq sens ne détecte sa présence. Par contraste, une infirmière qui administre un médicament peut lire l'étiquette sur le flacon dont elle vient de prendre le médicament. La quantité de médicament mesurée est vue au moment où elle est administrée au patient.

Par contre, les radiations doivent être mesurées régulièrement par un physicien à l'aide d'équipements et de procédés d'étalonnage complexes. Le plan de radiation est souvent calculé sur un ordinateur contenant tous les aspects du système de traitement modélisés mathématiquement par le logiciel de planification. Cette modélisation peut inclure l'insertion d'objets dans le faisceau comme des coins et des blocs de caches. La modulation d'intensité peut être créée par le système de planification du traitement et réalisée par un compensateur fabriqué à ces fins ou par les déplacements programmés des collimateurs multi-lames pendant le traitement. Cette procédure longue et complexe ouvre de nombreuses possibilités d'erreurs que les machines ou les personnes peuvent commettre.

La radiothérapie, comme toute autre spécialité médicale qui a des conséquences directes sur le patient, n'admet aucune tolérance à l'erreur. Généralement, il n'est pas acceptable de blesser, tuer ou paralyser un patient. Cependant, des blessures, la mort et la paralysie peuvent résulter en cas d'erreur de traitement. Des mesures de contrôle de qualité doivent être mises en place dans tous les centres de traitement afin de garantir que les traitements reçus par les patients sont conformes à la prescription. Les procédures standards de contrôle de qualité (voir références 1, 2, 3, et 4 ci-dessous) exigent généralement le contrôle de chaque

élément de la procédure de planification du traitement. Nous partons du principe et nous espérons que lorsque tous les éléments sont corrects, le résultat final l'est aussi. Cependant, sans mécanisme de rétroaction pour toute la procédure de planification et de délivrance du traitement, il est fort probable que toute défaillance d'un élément ou d'un concept sous-jacent passera inaperçue. Un exemple d'une telle défaillance est la perte du Mars Lander causée par le défaut de conversion des unités anglaises en unités métriques dans certains composants du système. Personne ne s'en est rendu compte avant que la fusée ne décolle. L'utilisation de ce programme « DosimetryCheck » permettra de vérifier étape par étape la bonne exécution du plan avant de traiter le patient.

Principes généraux de contrôle qualité

Les principes généraux ont été découverts dans les domaines de l'ingénierie et de la fabrication afin de garantir la qualité. Ils incluent de disposer et de respecter des procédures documentées comprenant des mécanismes de redondance et de rétroaction. Le lancement de la fusée mentionnée ci-dessus a fourni comme rétroaction finale que le satellite n'atteindrait pas sa cible. Les professionnels de médecine doivent connaître les méthodes de contrôle de qualité utilisées dans les autres industries. L'industrie aéronautique applique le principe que la défaillance d'un seul composant ne doit pas nuire à la totalité de l'avion. La redondance est employée pour réduire les défaillances.

Étudions ce concept quelques instants. Si le taux de défaillance d'un composant est de 0,01 ou 1 pour cent, et que le taux de défaillance d'un composant redondant est également de 0,01, alors le taux de défaillance des deux composants utilisés ensemble avant la défaillance du système complet est le produit de chaque composant, soit $0,01 \times 0,01 = 0,0001$ ou 0,01 pour cent, une amélioration de la fiabilité au centuple. Ainsi, s'il n'est pas possible d'améliorer un composant, il suffit d'ajouter une redondance.

Rétroaction

Les mécanismes de rétroaction sont également des outils puissants pour obtenir des systèmes fiables. Étudions le flotteur d'une chasse d'eau. Le niveau d'eau arrête l'écoulement en soulevant le flotteur. Si un simple temporisateur était utilisé et que la pression était trop élevée certains jours, le réservoir pourrait déborder avant que le temporisateur ne coupe l'eau. Le tube de débordement dans le réservoir fournit également une protection redondante contre une telle défaillance. De ce fait, à ce jour je n'ai pas encore vu de défaillance de chasse d'eau.

Faillibilité humaine

Les hommes réalisent la tâche de planification du traitement. Ils doivent utiliser des programmes complexes sur des ordinateurs et peut-être utiliser des calculateurs pour calculer ou contrôler les résultats. Les êtres humains sont faillibles. Personne ne peut réaliser ne serait-ce qu'une procédure de routine de manière répétée sans finir par commettre une erreur. Au cours des deux dernières années, j'ai administré un fluide en sous-cutané à mon chat, deux fois par semaine. Au cours des deux années, je me suis piqué deux fois avec l'aiguille. Mon taux de défaillance avec l'aiguille est de 2 sur 208 soit environ 1 pour cent. Il paraît fort peu probable qu'une personne aille au travail tous les jours pendant plus de 40 ans et utilise un ordinateur ou des calculateurs sans n'avoir jamais commis d'erreur. Il semble fort peu probable que chaque patient puisse être traité sans défaillance s'il n'existe pas de procédure de contrôle de la qualité.

Erreurs typiques possibles

Les accessoires et modificateurs de faisceaux comme des blocs et compensateurs doivent être utilisés pour le traitement. On peut fabriquer un compensateur grâce à une découpeuse, par exemple. Les choses peuvent mal se passer lors de la fabrication. Les outils peuvent être mal étalonnés. Le professionnel médical peut commettre une erreur lors de la mesure du facteur d'atténuation. Le compensateur peut être monté à l'envers ou associé au mauvais champ ou au mauvais patient. Le mauvais fichier peut être téléchargé dans un système de collimateur multi-lames pour réaliser la forme du champ ou la modulation d'intensité. Un incident a été signalé concernant un compensateur créé pour un champ de traitement du poumon. Le champ était centré sur le poumon, mais le nombre des unités moniteur n'étaient pas corrigées pour la transmission dans le poumon.

Évidemment, personne ne s'est rendu-compte que le résultat serait une augmentation des doses au niveau des structures autour du périmètre du poumon, comme la moelle épinière, par rapport à ce que le poumon devait recevoir sans correction de la transmission, au lieu d'une réduction prévue de la dose dans le poumon afin de correspondre à la dose en dehors du poumon. Ceci peut entraîner une dose de 10 à 15 pour cent supérieure à la dose prévue. J'ai entendu parler d'un autre incident impliquant un physicien qui avait supposé que le facteur de coin n'avait pas été pris en compte dans un programme de traitement par faisceau externe alors qu'il l'était. Le facteur de coin a ainsi été appliqué deux fois.

Il est évident que toute personne travaillant en radiothérapie a été impliquée dans une erreur ou a entendu parler d'erreurs. De par la nature des erreurs et des conséquences possibles pour le patient, sans parler des poursuites judiciaires, les erreurs ne sont probablement pas toutes rendues publiques et nous ne connaissons pas l'étendue réelle de ce problème en radiothérapie. Notre préoccupation est de mettre au point une procédure qui réduira les risques d'erreurs passant inaperçues avant le traitement.

Contrôle de Traitement

En radiothérapie, les moyens de contrôles immédiats pour s'assurer que le traitement est délivré soit conforme à la prescription restent peu nombreux. Les seuls mécanismes de contrôle couramment utilisés pour vérifier la dose consistent à réaliser une mesure en surface sur la peau du patient. Cette mesure de surface peut être reliée à une valeur de dose prévue. Cependant, la mesure en un ou quelques points ne montre pas comment les effets de tous les faisceaux de traitement s'accumulent et elle ne fournit pas la dose au volume cible ni aux structures critiques. Des erreurs sont toujours possibles dans d'autres positions dans le champ d'irradiation, sans pouvoir être détectées par une mesure en un point. Comme, par exemple, la mesure de la dose à un point situé sur l'axe central du faisceau ne permet pas de déterminer si l'orientation du coin est inversée. La réalisation des mesures dans le patient est généralement limitée à quelques points, si une cavité naturelle est disponible et s'il s'agit d'une procédure invasive.

Ce produit fournit une boucle de rétroaction pour la dose et il devrait être un outil puissant pour garantir le bon traitement des patients. En calculant la dose administrée au patient en se basant sur les champs mesurés, toute erreur dans le plan de traitement, les calculs du nombre d'unité moniteur ou les dispositifs placés dans le faisceau devrait être mise en évidence, si elle est importante. Par importante, nous espérons relever toute erreur de dose supérieure à cinq pour cent. Ceci signifie également que si un coin est orienté à l'envers ou si un mauvais coin est utilisé, ou en cas d'erreur de modulation d'intensité, comme le téléchargement du mauvais fichier dans l'accélérateur, cette dose résultante au patient apparaîtrait en examinant la distribution de dose calculée à partir des champs mesurés appliqués au patient.

Avantages de cette méthode

Un avantage de cette approche est que la dose sera présentée en fonction de la même anatomie que celle du plan. La revue de la dose n'est pas abstraite, comme une mesure de dose sur un fantôme cylindrique pour lequel le plan a été recalculé, bien que cette autre méthode offre également ses avantages. Un autre avantage est que la dose confirmée peut être calculée pour n'importe quel plan de coupe dans le patient ou affichée en perspective 3D dans une vue de salle et ainsi, sans se limiter aux plans de coupe mesurés dans un fantôme. En téléchargeant la distribution de dose du système de planification, une comparaison directe peut être effectuée sur la dose planifiée.

Limites

Avertissement sur les limites :

Il est également important de garder à l'esprit que seule la dosimétrie est contrôlée. Rien n'est fait dans cette procédure pour vérifier que les champs sont bien positionnés sur le patient. En outre,

nous partons également du principe que les traitements seront administrés avec les mêmes paramètres utilisés pour les mesures de champs, c'est-à-dire qu'une erreur n'est pas commise une fois que le contrôle dosimétrique est réalisé. La sélection de la bonne énergie n'est pas non plus contrôlée directement.

Une revue et une évaluation attentives devraient être réalisées lors de l'implantation des procédures afin de comprendre et de documenter ce qui est contrôlé et ce qui ne l'est pas. Cependant, cette vérification de la distribution de dose se basant sur la mesure élimine de nombreuses sources d'erreurs possibles en fournissant une boucle de rétroaction très utile.

Éventuels faux positifs : Erreurs courantes

Une source possible de défaut de signalisation d'un traitement incorrect serait l'occurrence de la même erreur dans ce système de contrôle et lors de la procédure de planification et de traitement. Il convient de veiller à ne pas commettre deux fois les mêmes erreurs ou de ne pas commettre d'erreurs complémentaires. Par exemple, partons du principe qu'un coin ou un compensateur est inséré en orientation inversée par rapport à ce qui est prévu. Si le champ mesuré utilisé comme donnée d'entrée dans le système est également incorrectement inversé, de manière à ce que le dispositif semble apparaître avec la bonne orientation, cette erreur de position du dispositif ne serait pas détectée. Si l'étalonnage de la machine de traitement est incorrectement spécifié dans le système de planification et ce système de contrôle, l'erreur ne serait pas détectée. Les erreurs d'orientation du champ mesuré peuvent être évitées en mettant en place une procédure avec un verrouillage positif entre le champ mesuré et le collimateur. Généralement, d'autres erreurs courantes sont détectées pendant les tests réguliers d'acceptation des systèmes de planification du traitement et de contrôle qualité des données de faisceau mesurées.

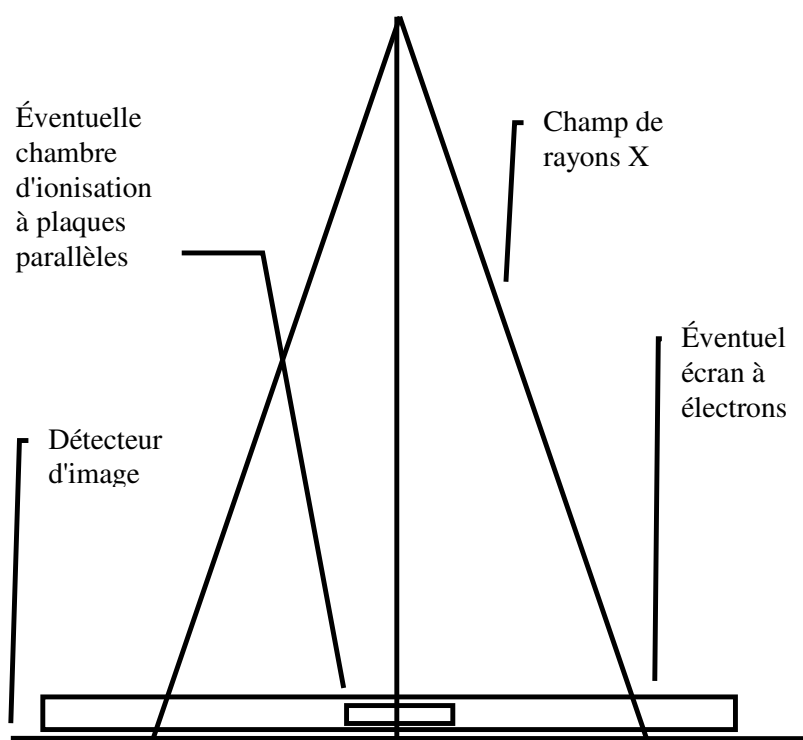
Cependant, il est désirable de réduire au maximum toute interdépendance entre le système de contrôle, le système de planification du traitement et la machine de traitement. L'utilisation de données de faisceau génériques fournies ici et/ou la séparation des données de faisceau utilisées par ce système et celles du système de planification de traitement permettra une certaine indépendance entre ces deux systèmes.

Références

1. Physical Aspects of Quality Assurance in Radiation Therapy, Report Number 13, 0-88318-457-5, 1984 Radiation Therapy Committee Task Group #24, with contribution from Task Group #22, Medical Physics Publishing, 4513 Vernon Blvd., Madison, WI 53705-4964.
2. "Medical Accelerator Safety Considerations: Report of AAPM Radiation Therapy Committee Task Group No. 35, James A. Purdy, et. al., Medical Physics Vol. 4, No. 4, July/August 1993, pages 1261-1275.
3. "Comprehensive QA for Radiation Oncology: Report of AAPM Radiation Therapy Committee Task Group 40", Gerald J. Kutcher, et. al., Medical Physics Vol. 21, No. 4, April 1994, pages 581-618.
4. "American Association of Physicist in Medicine Radiation Therapy Committee Task Group 53: Quality Assurance for Clinical Radiotherapy Treatment Planning", Benedick Fraass, et. al., Medical Physics Vol. 25, No. 10, Oct. 1998, pages 1773-1829.

Mesure des champs de rayons X

En règle générale, nous pensons que les personnes qui traitent le patient devraient également réaliser les expositions pour la mesure des champs de rayons X de contrôle. La raison à cela est une assurance supplémentaire que les champs de contrôles seront irradiés dans les mêmes conditions que le traitement, c'est-à-dire que les mêmes dispositifs seront utilisés dans le faisceau, dans les mêmes positions. Nous allons discuter ci-dessous de la possibilité de réaliser une telle mesure pendant le traitement, si la technologie



Géométrie pour réaliser une image mesurée du champ de rayons x.

est disponible.

De nombreuses technologies sont disponibles pour mesurer le champ d'irradiation. L'utilisation du film à rayons X est complexe et de nombreux services se débarrassent de leurs développeuses.

EPID

Les dispositifs d'imagerie portale électronique (EPID) et les chambres d'ionisation ou les matrices de diodes sont des dispositifs de remplacement adaptés. L'utilisation de ces dispositifs est couverte dans un document distinct : « Utilisation des EPID pour DosimetryCheck ».

Film à rayons X

Le film Kodak EC en Ready-Pack, connu sous la dénomination EDR2 (Plage de dose étendue), devrait disposer d'une plage dynamique couvrant les 650 unités moniteur avec le film placé à 100 cm (nous avons mesuré une densité optique de 3,0 pour 650 unités moniteur à 100 cm). Le film de vérification prêt à l'emploi sera limité à moins de 200 unités moniteur à 100 cm (nous avons mesuré une densité optique de 3,0 à 200 UM). Dans le cas d'une plage dynamique aussi limitée, ce logiciel peut gérer un traitement partiel, car l'utilisateur peut saisir le nombre d'unités moniteur effectivement utilisé pour irradier le film et le nombre d'unités moniteur planifié pour le champ. Alors, la dose mesurée sera ajustée en tenant compte du rapport entre les deux nombres unités moniteur. Les systèmes de radiologie numérique appliqués à la radiothérapie ont également la possibilité

d'offrir une vaste plage dynamique. Les dispositifs électroniques comme les CR, composés d'un écran phosphorescent, un miroir à 45 degrés et une caméra TV peuvent être suffisants, tout comme les matrices de diodes ou de chambres d'ionisation. Le film fonctionnera et sera peut être le dispositif le plus facilement disponible à utiliser.

Orientation du champ mesuré

Il est important qu'il n'y ait pas de confusion en termes d'orientation du dispositif d'imagerie par rapport au collimateur. Un dispositif électronique d'imagerie qui est monté sur le collimateur ou le bras éliminerait complètement toute éventuelle erreur d'orientation avec une distinction de faite en termes de rotation des dispositifs d'image avec le collimateur.

Avec les films prêts à l'emploi, il est possible de repérer le film à l'aide d'un motif de repérage qui détermine clairement les axes positifs en X et Y, comme deux repères en dehors du champ +X et +Y, avec un second repère pour déterminer l'autre extrémité de l'axe X ou Y. Laisser une marge d'au moins 1 cm entre les repères et l'image du champ.

La surface du film à exposer doit être perpendiculaire à l'axe central du faisceau. Il est préférable d'utiliser des distances source/film inférieures à 100 cm pour adapter un grand champ dans la taille de film disponible. Ce logiciel peut corriger un changement de distance de mesure en appliquant la loi de l'inverse carré des distances par rapport à la distance de calibration.

La position de l'axe central doit être connue. La projection des bords du champ peut également servir à localiser l'axe central à l'aide de l'outil de localisation fourni dans Field Dose (Dose de champ) ci-dessous. Cependant, la présence éventuelle d'un cache pourrait obscurcir les bords du champ.

Avertissement champ mesuré et collimateur :

Un système efficace doit être monté pour repérer le champ mesuré par rapport au collimateur, afin de connaître la position de l'axe du faisceau et éviter toute confusion en termes de rotation du champ mesuré par rapport au collimateur.

Un écran (filtre) à électrons devra se trouver au-dessus de la surface d'imagerie afin d'éviter tout voilage du film en le protégeant des électrons de contamination. Les matériaux équivalents eau sont source de légers problèmes, car les diffusés produits dans le bolus arrondira les bords du champ d'irradiation mesuré. Nous avons remarqué que ceci entraîne une sorte de légère contraction des forts niveaux d'iso-dose, comme le %95.

Avec le film à rayons X, les meilleurs résultats ont été obtenus à l'aide d'une plaque de cuivre d'une épaisseur de 3 mm pour absorber des électrons de contamination. Nous n'avons pas vu de dégradation du bord du champ mesuré avec 3 mm de cuivre. À 6x, il est possible d'utiliser du cuivre d'une épaisseur de 1 mm.

Nous ne voulons pas de fantôme sous la surface d'imagerie, parce que nous voulons effectuer une approximation de la mesure du champ dans l'air. Un fantôme sous la surface mesurée contribuerait à une retro-diffusion totale alors que nous partons du principe que le champ mesuré est dépourvu de tout retro-diffusion. Sinon une procédure de déconvolution est nécessaire.

Il est supposé qu'un essai à vide sera effectué sans patient. Cependant, cela n'empêche pas de réaliser une mesure du champ pendant le traitement, si la technologie existe pour le faire, c'est-à-dire qu'il existe un dispositif adapté qui peut également être utilisé tout au long du traitement. Cependant, dans ce cas, il faudra bien veiller à l'atténuation totale due à la présence du dispositif d'imagerie entre la source de rayons X et le patient ainsi que l'incidence que cela pourrait avoir sur le traitement. Si les unités moniteur sont augmentées pour compenser cette atténuation pendant le reste de l'irradiation, il faudra veiller à ce qu'elles soient réajustées lorsque le système d'imagerie n'est pas dans le faisceau.

Unités moniteur relatives (RMU)

Le système d'imagerie ne doit pas seulement enregistrer la variation d'intensité des rayons X dans le faisceau, mais il doit également mesurer avec précision les unités moniteur relatives utilisées. Ceci se fait avec le film en établissant une courbe de calibration parallèlement pour convertir la réponse du film en unités moniteur relatives. L'utilisation d'un coin en marche d'escalier permet de réaliser cela avec une seule exposition sur un film additionnel. Une autre variante serait de placer une chambre d'ionisation à plaques parallèles ou une diode au-dessus ou en dessous de la surface d'imagerie. Il devra être possible de déterminer le point de mesure, s'il est différent de l'axe central. La chambre ou diode et son câble ne doivent pas introduire d'artéfacts importants sur le reste de l'image du champ. Revoir la section Dose de champ ci-dessous pour une définition des unités moniteurs relatives.

Réalisation d'une courbe d'étalonnage pour un film

Nous vous recommandons de placer simplement le film sur la table de traitement à 100 cm et le couvrir d'une épaisseur de d_{max} à l'aide d'une plaque équivalente eau. Utiliser une taille de champ de $10 \times 10 \text{ cm}^2$ (en partant du principe que votre facteur de diffusé du collimateur Sc a été normalisé pour un champ de $10 \times 10 \text{ cm}^2$, sinon, corrigez les unités moniteur que vous utilisez). Nous vous recommandons également d'utiliser au moins 10 points dans la courbe d'étalonnage s'étendant de l'exposition minimale à la densité optique maximale que peuvent être numérisées par le scanner du film. Par exemple, pour le film de vérification en radiothérapie, vous pouvez envisager de générer la courbe jusqu'à un maximum de 60 unités monitor et irradier tous les champs de traitement avec 50 UM (vous pouvez probablement aller plus loin si le scanner de votre film peut gérer des densités plus sombres).

Si vous exposez le même film plusieurs fois, vous devez tenir compte du rayonnement de fuite de l'accélérateur et du diffusé. Si vous adaptez six expositions de champs 10×10 sur un seul film 14×17 pouces, chaque champ recevra la fuite des cinq autres expositions. Nous vous suggérons de couper le film en trois bandes de 14 par 5,7 pouces. Placez chaque bande dans une enveloppe vide de film Ready Pack (« prêts à l'emploi ») et pliez le bord ouvert au-dessus et fixez à l'aide d'un trombone. La longueur de 14 pouces est suffisante pour passer dans la développeuse de film. Et vous pouvez réaliser deux expositions d'un champ de $10 \times 10 \text{ cm}^2$, sur chaque bande. Mais l'autre partie du film doit toujours être couverte par un bolus afin de protéger le film de l'exposition aux électrons secondaires. Si la fuite est supérieure à 0,5%, nous vous recommandons d'utiliser davantage de film avec une seule exposition par bande (vous pouvez également coller un guide sur des morceaux de film plus petits afin de les passer dans la développeuse). La courbe d'étalonnage est simplement l'association des UM et les valeurs mesurées au centre de chaque champ de $10 \times 10 \text{ cm}^2$. Une zone non exposée sert pour 0 unité moniteur.

Ajustement d'échelle, Coin étalon en marches d'escalier ou dosimètre

L'utilisation de plusieurs expositions pour créer une courbe d'étalonnage à chaque fois que le système de vérification est utilisé prend beaucoup de temps. Vous pouvez soit créer une courbe initiale et en ajuster l'échelle à chaque utilisation, vous fier à une mesure dosimétrique pour renormaliser les films de champ de traitement ou étalonner un coin en marches d'escalier pour créer une courbe d'étalonnage se rapportant à chaque utilisation du système. Le problème est qu'il y aura d'importantes variations de réponse du film à cause de l'instabilité du système de traitement de film et des variations d'un lot de films à l'autre. Nous devons corriger cette variation.

Ajuster l'échelle de la courbe d'étalonnage

Afin de corriger les fluctuations de films de traitement, il peut être uniquement nécessaire de changer l'échelle de la courbe d'étalonnage. Lorsque vous réalisez des images par film de chaque champ pour un patient, exposez un film d'étalonnage supplémentaire, généralement de 10x10 cm², à un nombre d'UM connue. Utilisez la courbe d'étalonnage existante pour déterminer les nombres d'UM relatifs pour le film d'étalonnage. Saisissez le nombre d'UM utilisé dans l'outil contextuel fourni à cet effet (voir Dose de champ au chapitre suivant) afin de changer l'échelle de la courbe d'étalonnage. La courbe résultante (avec la nouvelle échelle) est enregistrée, puis utilisée séparément à la place de la courbe originale.

Dosimètre

Si vous utilisez un dosimètre, vous pourriez utiliser une chambre d'ionisation à plaques parallèles dans une plaque de polystyrène placée immédiatement au-dessus ou en dessous du film. Le logiciel propose des options vous permettant de saisir simplement la lecture du dosimètre, la température et la pression dans le cas d'une chambre d'ionisation et la distance. Vous devez étalonner le dosimètre dans la même géométrie que celle utilisée pour le film en réalisant une exposition avec une taille de champ de 10x10 cm² pour un nombre d'UM connu. La courbe d'étalonnage sera utilisée pour la distribution de dose relative, tandis que le dosimètre fournira la dose absolue.

Fabrication d'un coin étalon

Les sensitomètres utilisés en radiologie sont trop rapides pour nos films et ils offrent trop de variations d'une exposition à l'autre. La stabilité indiquée est généralement de ± 0.02 échelle log, ce qui signifie $\pm 5\%$ de l'exposition. Au lieu de cela, vous pouvez réaliser un coin en marches d'escalier dans du cerrobend ou du plomb. Le facteur d'atténuation linéique varie avec l'énergie. Avec des rayons X d'énergie nominale comprise entre 4 et 18 MV (-0,420/mm), nous avons calculé les épaisseurs suggérées ci-dessous pour un coin fait en cerrobend :

% approximatif de transmission	Épaisseur cm
0	La partie la plus épaisse doit s'étendre au-delà du bord du champ.
4,3	7,5
10	5,5
20	3,8
30	2,9
40	2,2
50	1,6
60	1,2
70	0,85
80	0,53
90	0,25
100,0	0,0

Vous pouvez utiliser une scie à métaux pour couper chaque partie. Nous vous recommandons de couper les côtés en respectant la divergence des rayons.

Afin d'étalonner le coin, vous devez toujours utiliser une courbe de calibration. Ensuite, placez le coin au-dessus du film. Déterminez la taille du champ et l'orientation qui seront toujours utilisées (en partant du principe que le film est toujours à 100 cm), c.-à-d. repérez l'axe central au-dessus du coin. L'irradiation du coin doit être légèrement inférieure au nombre d'UM maximal que vous avez utilisé pour établir la courbe de calibration. Numérisez ce film avec la courbe de calibration. Ensuite, utilisez le logiciel pour créer un fichier de coin de calibration. La courbe d'étalonnage sera utilisée pour attribuer un nombre d'UM à chaque marche du coin.

Ensuite, lorsque les films de traitement sont exposés, réalisez un film à l'aide du coin d'étalonnage, pour la même distance, la même orientation, la même taille de champ et le même nombre d'UM utilisé pour créer le fichier de coin. Le logiciel associera ensuite la valeur mesurée pour chaque marche avec le nombre d'UM équivalent déterminé plus haut pour générer une courbe d'étalonnage qui peut être appliquée aux films du champ de traitement.

Numériser un film

L'image du champ doit être convertie en format numérique. Lors de la numérisation, il conviendra de tenir compte de la plage dynamique du scanner de film en termes de densité maximale qu'il est possible de mesurer. Vous devez utiliser moins d'UM afin de ne pas dépasser la plage dynamique du scanner de film. Le programme propose une option qui vous permet de mettre à l'échelle les valeurs mesurées en fonction du rapport entre le nombre d'UM utilisé pour exposer le film et celui du champ de traitement si le nombre d'UM prescrit dépasse la plage dynamique, ce qui sera le cas pour un film de vérification en thérapie.

L'ordonnée à zéro (le voile du film) de la réponse du numériseur de film doit également être pris en compte. Un signal devrait être perçu pour une zone non-exposée du film, sinon il se peut que les doses faibles soient tronquées à zéro.

Un autre point à prendre en compte est le nombre de bits qu'il est possible de numériser. Huit bits par pixel permettent uniquement un chiffre de 0 à 255 pour représenter la plage des nombres d'UM. Comme les prescriptions de champ peuvent atteindre entre 250 et 300 UM, nous aurions à peine une résolution de 1 UM. En tenant compte de la marge dynamique nécessaire pour garantir que la plage n'est pas dépassée, la résolution résultante sera probablement moindre. Si le nombre de bits limite la précision, il faudra envisager d'ajouter à la mesure de champ une lecture par dosimètre, comme cela est indiqué ci-dessus.

Même si le dispositif bénéficie de convertisseurs analogique/numérique de 12 ou 16 bits, il faut également tenir compte du format de fichier d'image. Le format Tiff par exemple, ne supporte que 8 bits par couleur, les données de pixel de l'image devraient donc être tronquées à 8 bits. Généralement, la même valeur est stockée pour le rouge, le vert et le bleu ou un simple octet (8 bits) est utilisé pour les images monochromes. Cependant, pour un cas d'utilisation du logiciel avec un scanner de film Vidar de 12 bits, nous avons remarqué que les 12 bits étaient en fait écrits dans le fichier Tiff et répartis sur les bits rouge, vert et bleu. Ceci ne fait pas partie de la norme Tiff, car l'échelle de gris ne dépasse pas 8 bits, mais nous avons malgré tout modifié notre lecteur Tiff pour décoder les 12 bits à partir des champs rouge, vert et bleu. Nous ne pouvons pas lire les pixels Tiff 16 bits non standard. Nous essaierons de gérer ce problème en fonction des besoins si nous nous confrontons à d'autres systèmes de codage.

Le format PNG est compatible avec des pixels d'échelle de gris de 16 bits et permet de définir une taille de pixel. Ce format est préféré au Tiff.

La norme Dicom permet une taille de données de 12 ou 16 bits par pixel, elle est donc préférée pour cette application.

Si la précision en termes de dose absolue exprimée nombre d'unité moniteur relatif ne peut être atteinte uniquement à l'aide d'images de film numérisé, alors il conviendra d'utiliser une chambre d'ionisation à plaques parallèles ou une petite diode (ou un transistor à effet de champ MOS) dans une pile de plaques servant de bolus, immédiatement au-dessus de la surface de mesure, ou immédiatement en dessous. La mesure en un point est utilisée pour renormaliser la matrice de dose. La courbe d'étalonnage est toujours utilisée avant la renormalisation finale. Nous aimerions que les unités moniteurs relatives soient mesurées avec une précision de 1 ou 2 pour cent afin d'avoir confiance dans le résultat. Ceci est réalisable avec un film en association d'un étalonnage par coin étalon ou une mesure en un point.

Taille de pixel

Un autre point critique avec les formats Tiff et PNG est que la taille de pixel est un paramètre optionnel et non obligatoire (en fait, la taille de l'image est spécifiée, puis la taille de pixel peut être calculée). Nous avons besoin de la taille de pixel des images numérisées. Si la taille de pixel n'est pas dans le fichier, un message apparaît et l'utilisateur devra déterminer la taille de pixel. Ceci peut être réalisé avec l'outil fourni qui affiche l'image du champ dans les coordonnées du perspective du faisceau «Beam Eye View».

Procédure de recalcul de dose

Les scans CT, les positions de faisceau, les régions d'intérêt contourées et une matrice de dose 3D peuvent être téléchargés dans le format Dicom RT ou RTOG. Le contour externe est inclus dans le téléchargement, il suffit de sélectionner ce volume comme étant la peau du patient. Le protocole Dicom RT dispose d'un mécanisme pour spécifier cela. Une conversion de valeur de pixel en densité doit toujours être faite avec ce logiciel, car la courbe de conversion ne fait pas partie des protocoles RT ou RTOG.

Si le plan ne peut pas être téléchargé, l'utilisateur doit lire dans ce logiciel l'ensemble de coupes CT scans utilisés pour le plan de traitement. Le contour externe doit être généré et la conversion des nombres CT en densité doit être déterminé pour chaque pixel. Ensuite, l'utilisateur doit localiser l'isocentre de chaque faisceau. Il sera fait référence au plan avec au moins deux vues orthogonales (perpendiculaires) des données d'image pour localiser l'isocentre. Une coupe scan transverse devra indiquer où l'isocentre se situe dans le plan du scan, mais une reconstruction sagittale ou coronale peut être nécessaire afin de situer l'isocentre le long de l'axe parallèle à l'axe du corps, perpendiculaire au plan transversal. Avec ce logiciel, l'emplacement du faisceau est facilement ajusté le long des trois axes. Les faisceaux ultérieurs commenceront avec le même isocentre que le faisceau précédent. L'utilisateur doit également sélectionner la bonne énergie. L'utilisateur doit définir les angles de bras, collimateur et table pour chaque faisceau.

Pour terminer, dans chaque cas, chaque faisceau doit être associé au champ mesuré respectif. Ceci peut se faire automatiquement ou l'utilisateur peut sélectionner les champs mesurés pour chaque faisceau. La sélection de deux ou plusieurs champs entraînera leur sommation. Une fois la procédure terminée, la distribution de dose peut être calculée.

Comparaison des résultats

Pour que le contrôle de la dosimétrie soit efficace, le résultat du calcul de dose doit être comparé au plan de traitement. L'utilisateur devrait tracer les graphiques dans les mêmes coupes présentées dans le plan de traitement pour la comparaison. Le point chaud (dose maximale) devrait également être noté, car ceci pourrait révéler une contrainte non décelée. La dose au point de normalisation (généralement l'isocentre) devrait être calculée à titre de comparaison avec le plan. Le point de normalisation et le point chaud peuvent permettre de réaliser une comparaison objective. La comparaison de distribution de dose sera de nature plus subjective, mais il est possible d'étudier la couverture du volume cible et la dose au niveau des structures sensibles.

Avertissements relatifs aux résultats de contrôle non concordant :

Le traitement du patient NE DOIT PAS se poursuivre tant que les causes des importantes différences de dose (supérieures à cinq pour cent) concernant les volumes importants ne sont pas comprises et corrigées. Le plan de traitement ne sera pas modifié en se basant uniquement sur le résultat de ce contrôle, mais la cause de cette différence sera déterminée et comprise, puis un plan de traitement corrigé sera proposé.

Méthode gamma

La méthode d'analyse gamma fournit un moyen de comparaison de deux distributions de dose en tenant compte de la différence des deux distributions en un point et la distance entre leurs isodoses. Voir la référence dans Medical Physics by Daniel Low, et. al., Vol 25(5) mai 1998, pp. 656-661, "A technique for the quantitative evaluation of dose distributions." Dans ce cas, la raison est que dans une zone à faible gradient, les courbes d'isodose de deux distributions pour la même dose peuvent être très écartées, alors que dans les faits la différence de dose est très faible. Dans une zone à gradient élevé, une distribution peut avoir une différence de dose importante en un point par rapport à l'autre distribution, mais qu'une très courte distance sépare le point qui a la même dose dans l'autre distribution.

Outils de comparaison

Plusieurs outils de comparaison sont disponibles lorsque le plan est téléchargé du système de planification du traitement et comprend une matrice de dose 3D. Ils sont décrits dans une section distincte. Outre la méthode gamma susmentionnée, les outils comprennent la création d'un histogramme différence de dose volume, affichage de la dose calculée et la dose téléchargée ainsi que leur différence sur les mêmes images et reconstruction d'une vue de la salle en 3D de la dose et de la différence de dose. Avec cette fonction, il est également possible d'afficher la distribution de dose téléchargée sur d'autres jeux d'images fusionnées.

Différence algorithmiques

Il faut s'attendre à de petites différences de dose dues aux différences d'algorithmes entre ce système et le système de planification. Une certaine connaissance de ces différences peut être nécessaire. L'algorithme de faisceau étroit (*Pencil Beam*) utilisé ici ne fonctionne pas très bien sur des zones d'interface internes et des différences sont attendues lors d'une comparaison avec un algorithme qui gèrent des effets d'interface comme la méthode de Monte Carlo ou un algorithme de superposition de dose pleinement implémenté. Nous pouvons également nous attendre à des différences au niveau des bords de champ et de bloc dans des régions de pénombre. Dans la partie homogène d'un faisceau (ne se trouvant pas à plus d'un centimètre d'un bord), il n'est pas rare que deux systèmes s'accordent dans une limite d'au plus cinq pour cent, voire trois pour cent. Cependant, les différences de dose supérieures à cinq pour cent dans des régions de manque d'équilibre électronique dont les bords de faisceau ne sont pas surprenantes.

Une autre source potentielle de petites différences peut être le contour externe. Ici, des contours supplémentaires sont interpolés (sauf si cette fonction est désactivée) entre les contours qui sont séparés de plusieurs millimètres.

Procédures systématiques de comparaison des plans

L'utilisateur devrait mettre en place une procédure systématique de comparaison des doses à partir des deux systèmes, en notant la dose d'enveloppe de la zone cible, la dose reçue par les structures sensibles et les doses maximales aux points chauds. Les différences importantes seront analysées et résolues. La comparaison d'une dose au niveau d'un point central fournit une mesure objective, tout comme l'histogramme différence de dose volume et l'histogramme gamma volume.

Défaillances possibles de ce système de contrôle

Avertissement, le programme ne teste que la dosimétrie :

Ce système teste exclusivement la dosimétrie et non l'application réelle des champs sur le patient.

Le traitement réel sur le patient dépendra du bon positionnement des champs sur le patient et du fait que les champs ne sont pas modifiés ni différents de ceux utilisés pour le traitement réel.

Avec le contrôle de dosimétrie réalisé par Dosimetrycheck, deux modes de défaillance existent, le faux positif et le faux négatif. Le faux négatif affiche une erreur lorsqu'il n'en existe aucune et le faux positif n'affiche pas d'erreur alors qu'elle en existe une en réalité.

Un résultat négatif alerte l'utilisateur et une enquête peut être menée pour résoudre le problème.

Un faux positif est moins probable, mais les possibilités existent. Un faux positif résulterait de la propagation de la même erreur dans le système de contrôle et le système de planification original. Une erreur courante peut être d'utiliser les mêmes données de base pour la configuration de faisceau. Cependant, on s'attend à ce que des procédures normales de contrôle de qualité du système de planification détectent de telles erreurs de données de base. En outre, la possibilité d'utiliser des données génériques fournies avec le système de contrôle rend ce dernier plus indépendant du système de planification. Mais même les données génériques peuvent nécessiter d'être modifiées par le physicien afin de définir convenablement la calibration de la machine de traitement. Par exemple, est-ce que la distance source point de calibration est de 100 cm + dmax ou juste 100 cm ?

Une autre source d'erreur de type faux positif est un paramétrage correct des champs pour le contrôle dosimétrique, mais incorrect pour le traitement lui-même. Mais ce dernier point s'applique également au traitement quotidien du patient, car il doit exister une certaine constance et un certain contrôle afin de garantir la cohérence.

Avertissement, paramètres d'entrée de champ :

Le logiciel DosimetryCheck se fie à l'utilisateur pour définir convenablement l'isocentre et les angles de chaque champ et pour spécifier convenablement l'énergie de chaque faisceau. Le champ mesuré doit être correctement associé à chaque champ planifié correspondant.

Il conviendra de faire particulièrement attention à la mesure du champ réel et aux moyens pour déterminer l'orientation du champ mesuré par rapport au collimateur. Le dispositif de mesure, qu'il s'agisse d'un film ou autre, doit être correctement placé de la même manière par rapport au collimateur. Si le dispositif de mesure est fixé au collimateur, ceci est garanti. Dans le cas contraire, une procédure sera mise en place, par exemple de toujours disposer l'angle du collimateur à 0° et le film ou le dispositif de mesure dans la même position sur la table de traitement. De plus, des repères pourront être nécessaires afin que les axes x et y dans la vue du champ (BEV) soient clairement discernables, tout comme le côté du film exposé à la source à rayons X. Avec le film prêt à l'emploi (« Ready Pack »), un point percé en dehors du champ peut servir à cela. Mais il faut savoir que l'empreinte de tout repère dans l'image sera interprétée par le système de contrôle comme une variation de dose.

Avertissement, comprendre quelle partie est contrôlée :

L'utilisateur doit bien comprendre la partie de la procédure de traitement validée par le système de contrôle dosimétrique et la partie de la procédure que le système ne peut pas contrôler.

De nouvelles améliorations de ce système peuvent comprendre des images du patient étalonnées dans l'espace qui peuvent être comparées à la surface de la peau rendue afin de vérifier la position du patient par rapport à l'isocentre. Des mesures similaires du portique de la machine de traitement et du collimateur sont possibles.

Jeux d'images fusionnées

Avertissement, jeux d'images fusionnées :

Il est évident que si le système de contrôle signale une différence et une erreur de dose, le système ne peut pas être utilisé pour afficher la dose sur un jeu d'images fusionnées.

La distribution de dose transférée dans une coupe d'un jeu d'images fusionnées devrait être identique dans le plan de coupe identique du jeu d'image source. Les outils fournis avec la fusion d'image permettent de vérifier que le résultat de la fusion est correct. La dose affichée sur un jeu d'images fusionnées est fiable uniquement si le résultat de la fusion est correct et si le contrôle dosimétrique est conforme au plan.

SECTION 2 : DOSE DE CHAMP

Introduction

La barre d'outils Dose de champ/Fluence a été créée pour gérer la conversion des images en dose ou en fluence. De ce fait, les termes dose et fluence peuvent être utilisés de manière interchangeable dans ce document. La dose ou la fluence dépend du type de traitement réalisé ici ou avant d'utiliser les outils de cette barre d'outils. L'unité de la fluence est le « RMU » qui signifie « Relative Monitor Unit » (Unité Moniteur Relative), c'est-à-dire que la valeur fait référence aux UM nécessaires pour produire la même intensité au centre d'un champ de calibration, généralement un champ d'irradiation de 10x10 centimètres carré.

Pour DosimetryCheck, il faut comprendre qu'en général, nous faisons référence à des images qui définiront la matrice de fluence d'un champ, c'est-à-dire le modèle de la source. Cependant, dans certaines circonstances, ces fonctions pourraient être utilisées pour le traitement de doses bien qu'aucun outil d'analyse ne soit fourni. Dans ce document, les termes dose et fluence sont utilisés de manière interchangeable.

Les données consistent en un tableau de chiffres à virgule flottante, appelé tableau de champ ou image de champ. Les données sont mises à l'échelle pour être affichées comme une image.

La barre d'outils Field Dose/Fluence (Dose de champ/fluence) est accessible depuis l'un des programmes Convert****Images, s'il est nécessaire de réaliser une opération sur les champs mesurés. Cependant, les images enregistrées pour le même faisceau sont associées automatiquement dans Dosimetry Check au faisceau correspondant du plan. Il n'est donc pas nécessaire de les ajouter ici manuellement. La plupart des fonctions détaillées ci-dessus sont destinées au traitement de données provenant d'un film à rayon X ou d'un procédé similaire. Cependant, des fonctions sont disponibles dans le menu déroulant *Dose/Fluence Functions* (Fonctions de Dose/Fluence) afin de traiter les images provenant d'équipements électroniques gérés par un programme Convert****Images.

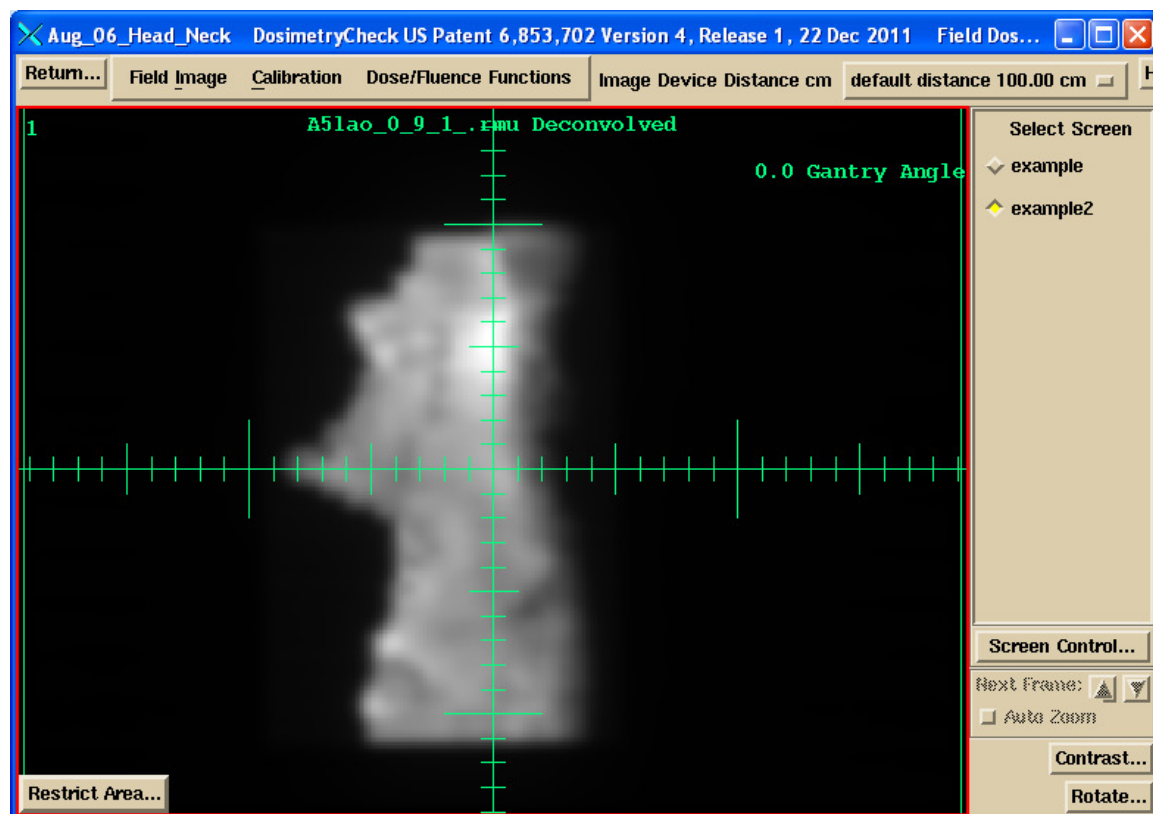
Ce programme lit une image intégrée d'un champ de rayonnement et fournit les outils de conversion des valeurs de pixel de l'image en unité de dose au choix de l'utilisateur à l'aide d'une courbe d'étalonnage. Le résultat est écrit dans un fichier du répertoire du patient afin de pouvoir être utilisé par d'autres applications. Des outils sont fournis pour :

- la localisation du centre du champ, l'orientation et la distance source détecteur (agrandissement).
- la création d'une courbe d'étalonnage.
- l'étalonnage d'une bande à échelons et l'utilisation d'une bande à échelons pour créer une courbe d'étalonnage.
- l'utilisation de la courbe d'étalonnage afin de convertir les valeurs de pixel en dose.

- la remise à l'échelle d'une courbe d'étalonnage afin de forcer la concordance avec une mesure en un seul point.
- pour composer en une seule image plusieurs images de différentes parties du champ

Ces fonctions sont proposées dans un programme distinct appelé « FieldDose », ou comme une composante d'une autre application. Dans l'un ou l'autre cas de fonctionnement, la sélection de « Field Dose/Fluence » fera apparaître la barre d'outils Field Dose/Fluence.

Barre d'outils *Field Dose/Fluence*



La barre d'outils *Field Dose/Fluence* affiche une image de champ et les axes du localisateur du BEV partiellement aligné.

Il faut sélectionner un patient avant d'utiliser la barre d'outils *Field Dose/Fluence*. Un patient fictif peut être créé pour des travaux n'impliquant pas de vrais patients. La barre d'outils « *Field Dose/Fluence* » est illustrée ci-dessus. Le menu déroulant « *Field Image* » comprend des options de lecture d'image de champ, de positionnement de champ et d'affichage de pixel ainsi que valeurs de dose correspondantes. Le menu déroulant « *Calibration* » (Étalonnage) comprend des options pour créer des courbes d'étalonnage et des bandes à échelons. Le menu déroulant « *Dose/Fluence Functions* » contient des options de conversion en dose et d'enregistrement du résultat, ainsi que des fonctions permettant de composer un champ à partir de plusieurs images. Il existe également une option pour normaliser le champ selon une mesure en un point et pour afficher des courbes d'isodose.

Lire une image de champ

Pour lire une image de champ, il faut d'abord choisir un cadre où placer l'image dans l'écran d'affichage actuel. Cliquer sur le bouton contenant un cadre vide. S'il n'y a pas de cadre vide, cliquer sur le bouton « Screen Control » (Commandes d'écran) dans le coin en bas à droite et créer un nouvel écran d'affichage. Ensuite, sélectionner l'un des cadres du nouvel écran. Dans le menu déroulant « Field Image » sélectionner le type d'image. Pour le moment, l'image doit être dans un format Dicom, Tiff, PNG ou un format propriétaire du Radiological Imaging Technology (Colorado Springs, CO). Vous devez connaître le format du fichier que vous voulez lire. Généralement, les noms de fichiers Tiff doivent terminer par l'extension .tif, les fichiers PNG par l'extension .png. Le système RIT113 de Radiological Imaging Technology produit trois fichiers pour chaque film scanné. Le DosimetryCheck n'a besoin que de deux de ces fichiers, il suffit de sélectionner l'un des trois, les deux fichiers nécessaires seront lus.

Les formats Tiff et PNG ne spécifient pas nécessairement la taille de pixel, mais elle est généralement incluse dans le fichier. Dans le cas contraire, vous devez soit connaître la taille de pixel ou la déterminer lorsque vous positionnez le champ. Cependant, vous devez alors savoir à quelle distance l'image a été prise afin de déterminer la taille de pixel et la dimension d'un objet dans l'image. Un fichier Dicom doit inclure la taille de pixel dans ses données. Le programme rIDicomDump fourni peut être utilisé pour afficher le contenu des fichiers Dicom, si vous connaissez la norme Dicom.

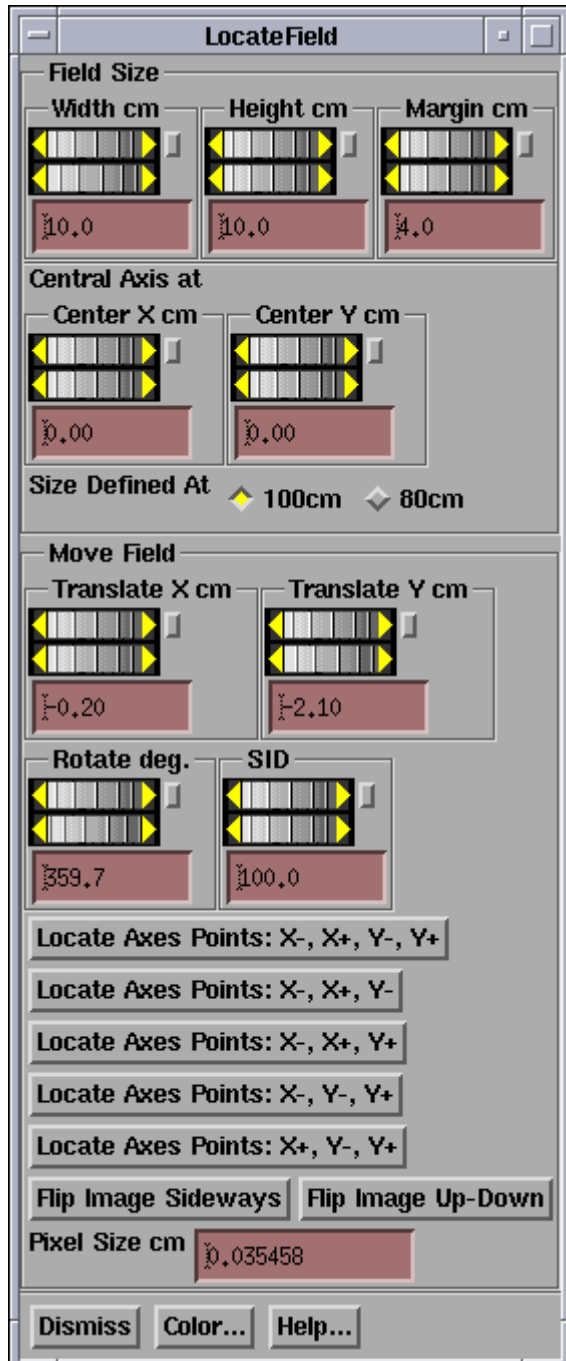
Nous pouvons lire des images en échelles de gris 16 bits TIFF, ce que la plupart des scanners de film produisent.

Nous avons noté que certains logiciels, (IrfanView) avec des scanners de film transforment une échelle de gris de 12 bits en 24 bits couleurs réelles (les 2 bits de poids fort en rouge, 5 en vert et 5 en bleu). Nous avons créé une routine pour développer une image tiff 12 bits encodée en (fausse couleur) dans les champs rouge, vert et bleu. Comme ce type de transformation ne fait pas partie de la norme Tiff, cela ne fonctionnera que dans ce cas particulier avec un scanner 12 bits.

Le fichier de format PNG supporte effectivement l'échelle de gris de 16 bits et nous avons créé un lecteur de fichier PNG en échelle de gris.

À partir de ce menu contextuel de sélection, sélectionner le fichier à lire. S'il n'y a pas d'erreurs, l'image apparaîtra dans le cadre que vous avez sélectionné.

Définir la position du champ



Fenêtre contextuelle « *Locate Field* » (positionner le champ)

Avant tout, vous devez sélectionner un cadre contenant une image dans laquelle le champ sera positionné. Vous ne pouvez pas convertir une image de champ en dose tant que la position du champ n'est pas définie. Le menu contextuel « *Locate field* » dessine le champ sur l'image. Le menu contextuel « *Locate field* » dispose de commandes pour spécifier la

largeur et la hauteur du champ. Pour les champs asymétriques, vous utilisez les molettes « *central axis at* » pour déplacer l'axe central dans le champ. Vous devriez connaître la taille du champ et les paramètres des mâchoires asymétriques afin de définir les valeurs correspondantes. Généralement, les tailles de champ sont définies à 100 cm, mais si elles sont définies à 80cm, vous avez la possibilité de sélectionner 80 cm en activant la case d'option correspondante. Généralement, nous considérons toujours la taille de champ à la distance normale de définition, c.-à-d. 100 cm au lieu de la distance à la peau du patient (distance = DSP).

La moitié inférieure de la fenêtre est destinée au déplacement du champ dans l'image. Si vous connaissez la distance entre la source et l'image, il convient de la définir avant tout avec la commande SID (*Source Image Distance* - Distance source imageur). Ensuite, translater l'image et éventuellement la pivoter jusqu'à ce que les bords du champ s'alignent avec les bords de l'image. Notez la taille de pixel en bas de la fenêtre. Elle est de 0,1 cm par défaut si la taille de pixel n'est pas dans le fichier image et vous serez averti par une fenêtre contextuelle que vous devez spécifier la taille de pixel.

Vous pouvez régler la SID par défaut à une valeur autre que 100 cm en utilisant un menu fichier et option dans la barre d'outils *FieldDose*. Ceci est pratique lors de la prise régulière d'images à une distance différente de 100 cm. Editer un fichier nommé *ImageHolders* dans le répertoire de ressources du programme (désigné fichier *rlresources.dir.loc*). Le format du fichier est le suivant:

```
/* file format version */ 1
// description, followed by distance in cm
<*Film holder 1*> 64.5
<*Film holder 2*> 59.8
<*couch top*> 100.0
```

Vous pouvez avoir autant d'entrées que vous le désirez. Dans l'exemple ci-dessus, vous avez des accélérateurs pour lesquels la distance entre la source et l'imageur est différente pour un porte-film fixé au collimateur. Dans la barre d'outils, sélectionnez la distance du porte-film à l'aide du menu d'option. Lorsque le menu contextuel *LocateField* apparaît, la distance sera indiquée dans le champ SID. Vous pouvez la modifier ici. Ce mécanisme fournit simplement une méthode pour vous éviter de devoir saisir une distance différente de 100 tout le temps. Si le fichier n'existe pas, le menu d'option affichera simplement 100,0 cm comme étant le seul choix d'une distance par défaut.

Si un cache irrégulier est présent dans le champ, de telle manière que les bords du champ définis par le collimateur ne sont pas visibles, des repères visibles seront nécessaires afin de connaître le centre et la rotation du champ. Pour les repères des axes définis dans l'image de champ, il est possible de cliquer à l'aide de la souris sur ces points au lieu de manipuler la

molette de commande afin d'aligner le localisateur de champ sur les repères. Le programme s'attend à ce que les points soient saisis dans l'ordre x^- , x^+ , y^- , y^+ . Par x^- , nous parlons d'un point négatif par rapport au point x^+ sur l'axe x du « BEV ». Le concept est identique pour l'axe y . S'il n'y a que trois points, il suffit de choisir la combinaison sur les boutons. Le curseur se transformera en une flèche gauche lorsque la valeur x^- doit être saisie, une flèche droite pour x^+ , une flèche en bas pour y^- et une flèche en haut pour y^+ . Le programme adaptera l'emplacement des axes du « BEV » aux points saisis. Vous pouvez toujours continuer à déplacer le champ par la suite à l'aide de la molette de coordonnées.

À l'aide de la commande de largeur et de hauteur de champ, faire correspondre la taille du champ. Utiliser le contrôle de marge pour inclure un maximum de zone autour du champ, jusqu'à au moins 2 cm. Cette zone supplémentaire comprend la pénombre et le pied du faisceau qui doit être incluse si la dose dans la zone immédiatement à l'extérieur du champ doit être précise. Cependant, il convient d'exclure les repères extérieurs comme les repères de centrage, sinon ils apparaîtront sous forme de dose (en surimpression).

Un bouton d'inversion d'image est prévu si l'image est numérisée du mauvais côté. L'image doit être visualisée depuis le côté source, c'est-à-dire que votre œil représente la source de rayons x .

Avertissement : Positionner convenablement le champ dans la de la source (BEV) :

Il est impératif de positionner le champ dans les coordonnées du « BEV » pour l'application Dosimetry Check.

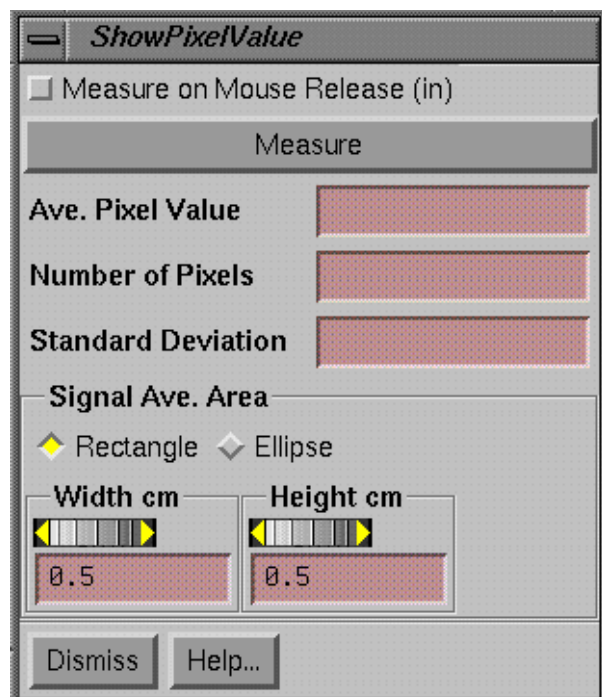
Pour le collimateur sans rotation, l'axe x est orienté de gauche à droite par rapport au plateau de la table, lorsque l'on regarde le statif. L'axe est orienté parallèlement à la longueur du plateau vers le statif. Ce sont les coordonnées IEC. Si le collimateur tourne, les images tournent avec. Si le dispositif d'imagerie n'est pas physiquement fixé au collimateur, nous vous suggérons de toujours positionner l'image de la même manière avec le collimateur sans rotation. En outre, vous devriez disposer de marqueurs apparaissant dans l'image pour confirmer l'orientation du système de coordonnées du BEV. Avec le film prêt à l'emploi (*Ready Pack*) vous pouvez envisager de percer l'axe x de deux trous d'épingle et l'axe y d'un trou d'épingle juste en dehors du champ. Avec le système Dosimetry Check, une mauvaise orientation du système de coordonnées ici se répercutera sur l'application du champ au jeu d'images du patient. Ceci peut entraîner un défaut de détection d'une mauvaise rotation du collimateur, si l'image de champ est tournée de manière à compenser l'erreur. Si le système d'imagerie est fixé au collimateur, vous aurez moins à faire. Le centre et l'orientation devraient être constants pour toutes les images prises avec le dispositif.

Pendant la manipulation des contrôles de la fenêtre « *Locate Field* », le champ est redessiné en conséquence. Le bouton de couleur en bas de la fenêtre contextuelle permet de sélectionner la couleur utilisée.

Si la distance entre la source et le film est inconnue, vous pouvez modifier la SID jusqu'à ce que les bords du faisceau correspondent à l'image. Si la distance avec le film est connue, mais pas la taille de pixel, vous pouvez saisir différentes tailles de pixel jusqu'à ce que les bords du faisceau correspondent. En général, vous devriez connaître la taille de pixel ou elle devrait être incluse dans le fichier image.

Vous pouvez quitter la fenêtre contextuelle « *FieldLocator* » une fois que vous avez terminé. Chaque image dans un cadre différent dispose de son propre outil de localisation. En cliquant sur « *Next Frame* » (Cadre Suivant) à l'aide de la souris lorsque le « *FieldLocator* » est affiché, ce dernier disparaît et laisse place au « *FieldLocator* » de l'image suivante. Ceci vous évite de naviguer jusqu'au menu déroulant (de façon répétitive).

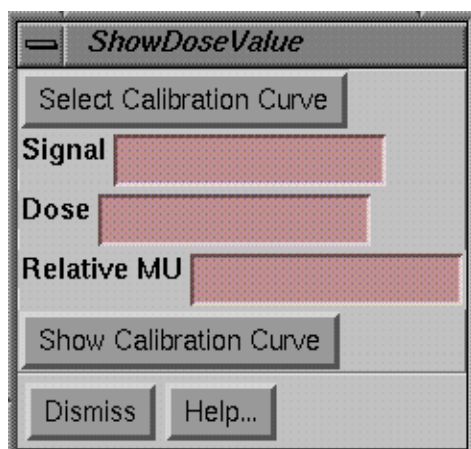
Afficher la valeur de pixel



Fenêtre contextuelle *Show Pixel Value* (Afficher la valeur de pixel)

Cet outil est utilisé pour afficher et mesurer la valeur de pixel dans les images. Il offre d'autres fonctions lorsque les valeurs de pixel sont nécessaires pour une image, comme par exemple, la création d'une courbe d'étalonnage à l'aide d'une image d'étalonnage comme un film d'étalonnage. En haut de la fenêtre contextuelle se trouve un bouton d'activation permettant d'effectuer des mesures après avoir relâché la souris. Si elle est sélectionnée, la zone sera mesurée après déplacement à l'aide de la souris jusqu'à l'emplacement désiré, une fois la souris relâchée. Ceci offre une méthode de mesure rapide. Sinon, il faut cliquer sur le bouton *Measure* (Mesurer) pour effectuer une mesure. La mesure sera dans la zone dessinée sur l'image. La zone peut être un carré, un rectangle, un cercle ou une ellipse. Les dimensions de la zone sont définies à l'aide des commandes à proximité du bas de l'outil contextuel. Les dimensions de la zone se trouvent dans le système de coordonnées de l'image, à la distance de l'image. Lorsqu'une mesure est effectuée, la valeur moyenne de pixel dans cette zone est affichée, avec le nombre de pixels échantillonnés dans la zone et l'écart type pour la moyenne. Si l'outil est invoqué à partir d'un autre outil, la valeur moyenne de pixel sera transférée vers l'outil appelant. Les autres outils nécessitant celui-ci le feront apparaître automatiquement à leur affichage. Utilisé seul, cet outil signale simplement les valeurs de pixel dans les images.

Afficher la dose



Fenêtre contextuelle *Show Dose* (Afficher la dose)

Ici nous avons le premier exemple d'une commande utilisant la fenêtre contextuelle *Show Pixel*. Cet outil permet de calculer la dose à partir d'une valeur de pixel avec une courbe d'étalonnage donnée. Une fois qu'une image est transformée en dose, un outil différent est utilisé pour afficher la dose de l'image de dose. Cliquer sur *Select Calibration Curve* (Sélectionner la courbe d'étalonnage) pour sélectionner une courbe d'étalonnage existante. La méthode de création d'une courbe d'étalonnage est détaillée ci-dessous. La valeur de pixel, appelée *Signal value* (Valeur de signal) dans le menu contextuel, peut être saisie ou elle peut se trouver dans l'outil contextuel *Show Pixel Value* (Afficher la valeur de pixel). La dose ou le nombre d'UM relatif est ensuite calculée en fonction du type d'étalonnage. L'outil *Show Calibration Curve* (Afficher la courbe d'étalonnage) peut être utilisé à tout moment pour afficher à nouveau la courbe d'étalonnage sélectionnée.

Créer une courbe d'étalonnage

Nous devons créer une courbe qui convertit la valeur de pixel ou la valeur de signal d'une image dans une valeur de dose. La courbe d'étalonnage peut être exprimée en dose absorbée ou en nombre d'UM relatif. Le choix se fait à l'aide du bouton radio du menu contextuel. Le programme Dosimetry Check exige que la dose soit définie en « *Relative Monitor Units* » (Nombre d'UM relatif) ce que nous allons définir ci-dessous.

Nombre d'UM relatif

Le nombre d'UM relatif est normalisé au centre d'un champ dont le FOC dans l'air (S_c) est l'unité, c'est-à-dire une valeur de 1,0. Il s'agit généralement d'une taille de champ de 10x10 cm², car la plupart des physiciens utilisent cette taille de champ comme taille de champ de référence. Une irradiation de 100 UM avec un champ ouvert de 10x10cm² produit 100 UM relatif au centre du champ. Si la taille de champ passe à 40x40 avec un FOC dans l'air de 1,05, la même irradiation de 100 UM entraîne 105 UM relatives au centre du champ. Si un atténuateur comme un coin est inséré dans le champ et que ceci atténue le rayon central d'un facteur de 0,5, alors 100 UM représentera $105 \times 0,5 = 52,5$ UM relative. Le programme Dosimetry Check calcule la dose à partir d'un tableau de valeur de pixel en nombre d'UM relatif. Pour la taille de champs susmentionnée de 10x10 cm², l'UM relatif changera en dehors de l'axe à cause de la variation de l'intensité du faisceau en dehors de l'axe généralement causée par un filtre égalisateur.

Pour générer une courbe en UM relatif, il suffit de définir un champ ouvert de 10x10cm² et de réaliser des expositions avec différents nombres d'UM choisis. La distance entre la source et l'image (SID) du plan d'image doit être connue et l'épaisseur du bolus doit rester identique pour ces images et toutes les images prises ultérieurement qui doivent utiliser la courbe d'étalonnage résultante. Les valeurs de signal au centre du champ qui en résultent doivent être associées aux UM lors de la création d'une courbe de conversion de la valeur de signal nombre UM relatif. Les valeurs de signal mesurées doivent se trouver dans un plan perpendiculaire à l'axe central avec une épaisseur de matériau de « *build-up* » de d_{max} au-dessus de la surface de mesure. Il ne doit pas y avoir de matériau (susceptible de générer du rétrodiffusé) sous le plan de mesure. Nous voulons que le profil de dose corresponde au profil dans l'air sur le champ. Le matériau du « *build-up* » ne doit pas dégrader cette hypothèse, mais dans tous les cas, il est nécessaire d'enregistrer un signal adapté dépourvu d'artéfacts liés au manque d'équilibre électronique. Veuillez remarquer que la variation de réponse du film par rapport à la profondeur n'est pas un problème, car la profondeur est constante sur toute la surface du film.

Un autre point important est la distance à laquelle les valeurs de signal sont mesurées pour la détermination des UM relatifs. Nous désirons permettre de mesurer un champ à une distance différente de celle à laquelle la courbe d'étalonnage a été mesurée. De ce fait, nous devons signaler la distance à laquelle la courbe d'étalonnage a été mesurée en utilisant le champ de texte fourni. Partons du principe que la courbe d'étalonnage a été mesurée à 100 cm et le champ à 80 cm. Alors les valeurs de signal pour chaque pixel de l'image seront

converties en UM relatif à l'aide de la courbe appliquée, puis multipliées par 80/100 au carré, car il faut moins d'UM pour avoir la même dose à 80 qu'à 100. En fin de compte, la valeur de signal est le résultat d'une dose absorbée.

Dose

D'autres utilisations de cette application peuvent nécessiter une mesure de dose à la place (d'une image). Les unités de dose peuvent être spécifiées dans le champ de texte fourni. Une dose mesurée est la même, quelle que soit la distance et le facteur de inverse carré des distance n'est pas appliqué. Le programme « Dosimetry Check » n'accepte pas d'images de champ converties avec une courbe d'étalonnage de dose, seules les UM relatifs peuvent être utilisées.

Si la valeur du signal a déjà été convertie en dose ou en UM relatifs, selon le cas, une droite d'étalonnage peut être saisie p.ex. 0 à 0, 100 à 100, 2048 à 2048, etc... Dans tous les cas, la courbe d'étalonnage doit couvrir la plage attendue des valeurs du signal. Les paires de données d'étalonnage sont adaptées à une courbe polynomiale et la courbe ne sera pas extrapolée au-delà des données utilisées pour générer la courbe. Ceci signifie qu'en général, zéro doit être saisi en bas de la courbe et la plus grande valeur de signal prévue doit figurer en haut de la courbe.

Signal par rapport à la dose

SignalVersusDose

Signal

Relative MU

Add To Data List

☐ Dose
 ☒ Relative MU
 Description...

Units for Dose

Distance of Measurement cm

Signal = 209.171875	Dose = 0.000000
Signal = 204.109375	Dose = 1.000000
Signal = 200.312500	Dose = 2.000000
Signal = 176.359375	Dose = 5.000000
Signal = 146.000000	Dose = 10.000000
Signal = 104.328125	Dose = 20.000000

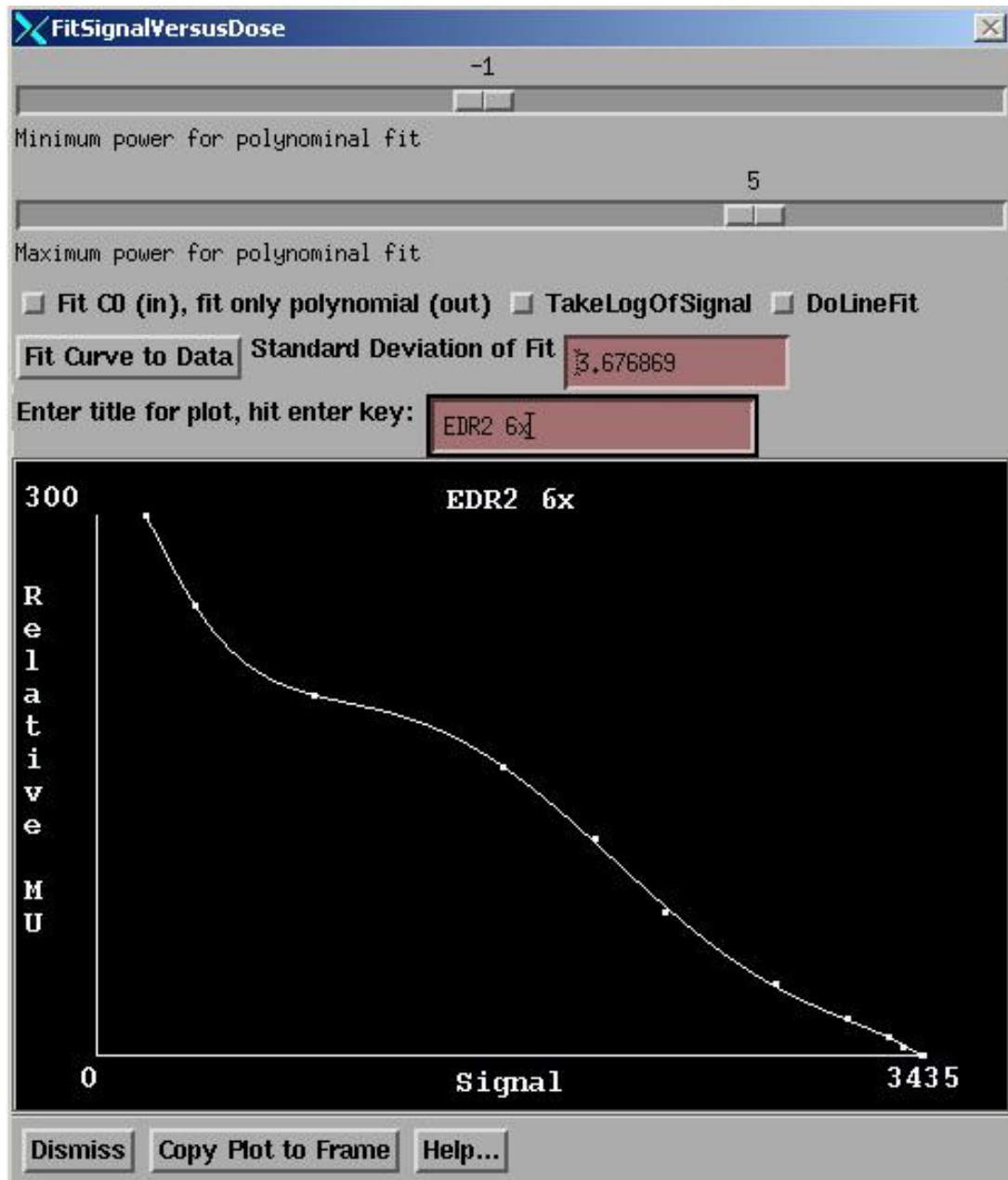
Select All UnSelect All Delete Selected Items Sort Fit Data...

Save As... Dismiss Help...

Fenêtre contextuelle Signal par rapport à la dose

La fenêtre contextuelle Signal Versus Dose (Signal par rapport à la dose) est l'outil permettant de créer une courbe d'étalonnage. Les courbes d'étalonnage illustrées ci-dessous peuvent également être générées à l'aide d'une bande d'étalonnage, mais à l'origine, cet outil est utilisé pour créer la courbe de calibration permettant d'étalonner la bande d'étalonnage. Les courbes étalonnées ici ou à l'aide des bandes d'étalonner peuvent être utilisées sans distinction. Les valeurs de signal peuvent être mesurées à partir de l'image des champs d'irradiation créée à cet effet, lues et affichées à l'aide de la fenêtre contextuelle *Show Pixel Value* (Afficher la valeur de pixel). Ou les valeurs de signal peuvent être saisies. La dose correspondante peut être saisie. Ensuite appuyer sur la touche entrée ou le bouton *Add To Data List* (Ajouter à la liste de données). Les données appariées apparaîtront dans la zone de liste déroulante ci-dessous. Chaque ligne peut être sélectionnée et supprimée. Ici, vous devez sélectionner si la courbe est en dose ou UM relatifs. Les unités de dose peuvent être saisies dans le champ de texte. Une description de la courbe doit également être saisie en appuyant sur le bouton Description. Lorsque toutes les données sont saisies, le bouton *Sort* (Trier) permet de trier la liste par ordre croissant de valeur de signal. Ensuite, cliquer sur le bouton *Fit Data* (Adapter les données) pour ajuster une courbe polynomiale aux données.

Adapter les données



Fenêtre contextuelle *Fit Calibration Curve* (Ajuster la courbe d'étalonnage)

La fenêtre contextuelle *Fit Signal Versus Dose* (Ajuster le signal par rapport à la dose) est l'outil fourni pour ajuster une courbe polynomiale aux données de signal apparié par rapport à la dose ou à l'UM relatif. Le polynôme peut commencer avec les puissances négatives du signal.

Un bouton d'activation détermine si la courbe ajustée doit approcher l'infini lorsque la valeur du signal approche une constante c lors de l'ajustement d'un polynôme commençant avec des puissances négatives. Ceci permet de tenir compte du cas où la dose augmente avec le signal selon la fonction:

$1/(c-\text{signal})$ avec $c >$ toutes les valeurs du signal.

Ou si la dose est décroissante selon la fonction:

$1/(\text{signal}-c)$ avec $c <$ toutes les valeurs du signal.

Si la dose augmente avec le signal alors $x = (c-\text{signal})$ est utilisé et c doit être plus grand que toutes les valeurs du signal. Si la dose diminue avec le signal alors $x = (\text{signal}-c)$ est utilisé et c doit être plus petit que toutes les valeurs du signal. Le logiciel détermine la forme à utiliser en examinant les données saisies. L'utilisation de la constante c de cette manière avec des puissances négatives de x dans l'adaptation polynomiale peut entraîner de meilleurs résultats d'adaptation de courbe aux données, en fonction de la nature des signaux. Sinon un polynôme normal peut être ajusté en désactivant le bouton d'activation contrôlant cet aspect et en réglant les curseurs pour un ajustement depuis une puissance de zéro jusqu'à une puissance positive.

La plage du polynôme à ajuster est sélectionnée par les curseurs fournis. n_min représente la puissance minimum sélectionnée avec le curseur supérieure et n_max la puissance maximum sélectionnée avec le curseur inférieure. De ce fait, le polynôme va des puissances n_min à n_max où $n\_min < n\_max$. La valeur de C est tout d'abord optimisée à l'aide de la méthode de descente de gradient si le bouton d'activation est réglé pour adapter la constante C . Sinon C est réglé sur zéro et x est égal au signal. Pour chaque valeur de C pendant la recherche, les termes a_0 à a_m ci-dessous sont calculés à l'aide de l'ajustement des moindres carrés. L'utilisateur peut modifier la plage de n_min et n_max , excepté que le nombre de termes ne peut pas être supérieur à 9 ou inférieur à 2. Ensuite, la courbe polynomiale est ajustée :

$$\text{dose} = a_0 * x^{n\_m} + a_1 * x^{(n\_min+1)} + \dots + a_m * x^{(n\_max)}$$

où l'exposant indique que x est à une puissance. $m = n\_max - n\_min$ et $n\_min < n\_max$ est appliqué. Il convient de remarquer que n_min peut être négatif. La valeur par défaut est $n\_min = -3$ et $n\_max = 3$, donc, avec les valeurs par défaut, nous adaptions un polynôme commençant à x à la puissance -3 jusqu'à x à la puissance $+3$. Les paramètres optimisés avec les moindres carrés sont : $a_0, a_1, \dots, a_{m-1}, a_m$.

L'utilisateur peut essayer différentes plages de puissance pour l'ajustement polynomiale et essayer l'optimisation avec ou sans le comportement asymptotique avec la constante c afin

d'atteindre un ajustement optimal de la courbe aux données. La courbe doit suivre les données de manière régulière, sans oscillations. Un polynôme d'une puissance trop élevée peut entraîner une courbe avec des vagues. Généralement, en cas de doute, choisir la puissance la plus faible. Attribuer des puissances de 0 à m sans c si la courbe n'est pas très pentue à une extrémité ou l'autre du domaine.

Le logarithme du signal peut être pris avant l'ajustement, bien que nous n'ayons pas observé d'avantage à cela. Un tracé linéaire de point à point peut également être utilisé, mais nous pensons que l'ajustement d'une courbe est préférable.

Il est possible de donner un titre au tracé. Le tracé peut ensuite être copié dans un cadre vide pour un affichage continu. Il suffit de sélectionner tout d'abord le cadre vide en poussant le bouton de cadre vide et de cliquer sur le bouton Copy To Frame (Copier vers le cadre).

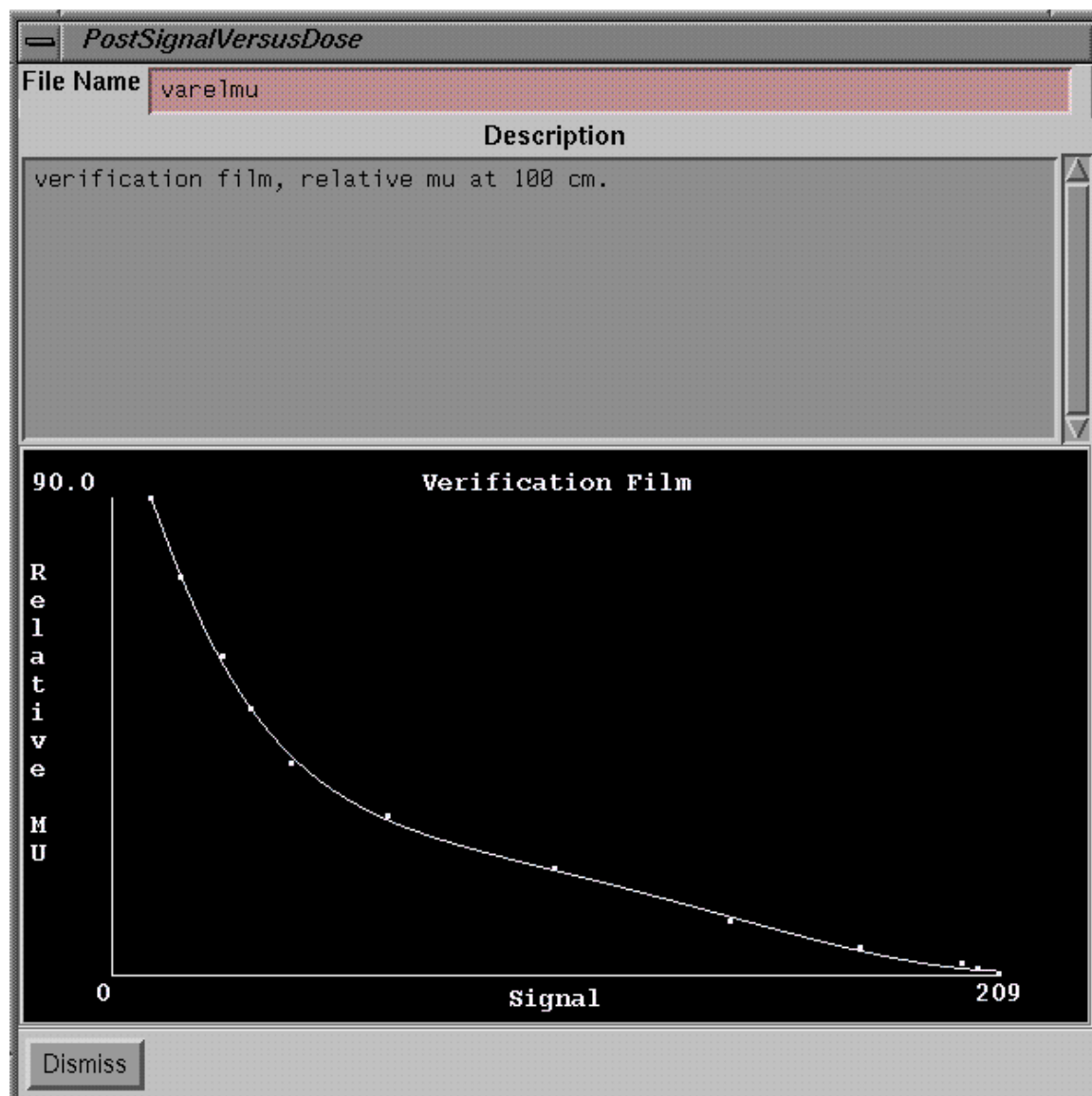
Lorsque les données ont été ajustées de manière satisfaisante à une courbe, quitter la fenêtre contextuelle.

Il faut savoir que le comportement d'une extrapolation polynomiale en dehors de la plage des données ajustées est mal défini. C'est-à-dire que la courbe peut faire des choses étranges au-delà du domaine des données utilisées pour adapter la courbe. Pour cette raison, un ajustement polynomiale ne peut pas et ne sera pas extrapolée.

Attention, la courbe d'étalonnage doit couvrir le domaine du signal :

Votre courbe d'étalonnage doit couvrir la plage des signaux attendus.

Une fois qu'une adaptation satisfaisante est obtenue, vous devez enregistrer la courbe dans un fichier afin de pouvoir l'utiliser. En cliquant sur le bouton Save As (Enregistrer sous) vous serez invité à saisir un nom de fichier dans lequel vous allez enregistrer la courbe. La courbe sera enregistrée dans un sous-répertoire CalDCur.d dans le répertoire de données spécifié par le fichier DataDir.loc dans le répertoire de ressources du programme. Vous pouvez créer des sous-répertoires dans CalDCur.d pour organiser vos données. Pour supprimer ou réorganiser ces répertoires, utiliser le langage de système de commandes ou les outils de bureau.

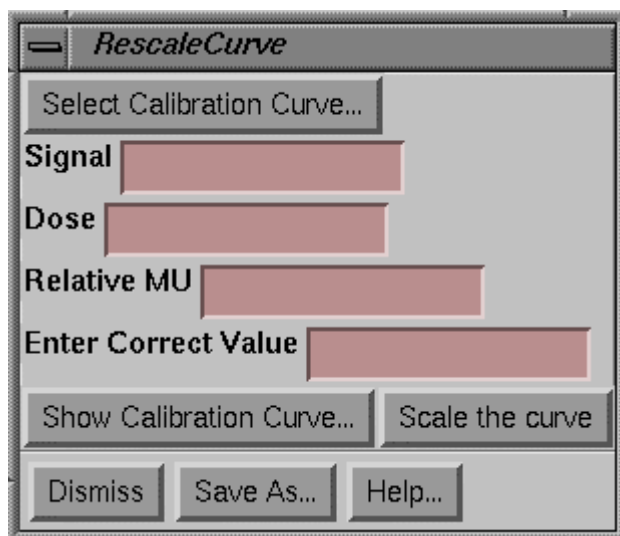
Afficher le signal par rapport à la doseFenêtre contextuelle *Post Signal Versus Dose* (Afficher le signal par rapport à la dose)

À chaque fois qu'une courbe d'étalonnage est sélectionnée, elle peut être affichée. La fenêtre contextuelle affiche le nom du fichier, la description saisie pour la courbe ainsi qu'un tracé des données et de la courbe ajustée. Une fois la courbe enregistrée, il n'existe pas d'outils pour son édition. Il suffit de saisir une nouvelle courbe si des modifications doivent être apportées.

Remettre à l'échelle la courbe d'étalonnage

Lorsque vous travaillez sur un film, vous pouvez corriger les variations dues à la chaîne de développement en remettant à l'échelle la courbe d'étalonnage. Ceci se fait en réalisant une

seule irradiation d'étalonnage, généralement un champ de 10x10 cm à la distance d'étalonnage, avec une dose ou un nombre d'UM connue. Puis, utiliser une courbe d'étalonnage existante pour mesurer la dose ou les UM relatifs de ce film. La courbe peut ensuite être remise à l'échelle en multipliant les coefficients optimisés par le rapport entre la dose (ou le nombre d'UM relatif) réelle et celle (celui) que la courbe d'étalonnage a déterminé. Les données originales utilisées pour créer la courbe sont également multipliées par ce facteur. Il suffit de saisir la dose réelle ou les UM relatifs réels dans le champ de texte fourni



Fenêtre contextuelle *Rescale Calibration Curve* (Remettre à l'échelle la courbe d'étalonnage)

Il convient de remarquer que pour les UM relatifs, le programme ne les calcule pas tant que le champ n'est pas localisé, car les UM relatifs dépendent de la distance mesurée. Mais si vous savez que la distance est la même, vous pouvez simplement saisir le résultat du champ de dose.

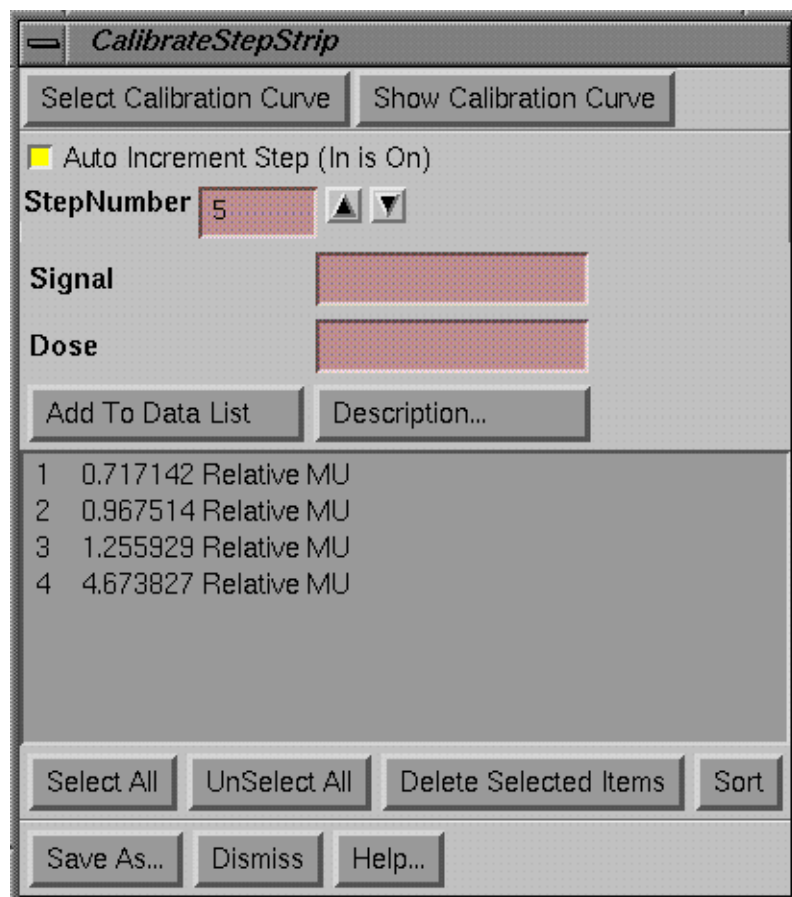
Ensuite, vous devez enregistrer cette courbe sous un nouveau nom, puis sélectionner ce nouveau fichier d'étalonnage pour un usage ultérieur. Cette méthode est suffisante pour les petites modifications. Cependant, sachez que le gamma (pente) de la courbe de réponse peut changer avec le traitement du film. Ce qui nécessiterait une nouvelle courbe d'étalonnage ou l'utilisation d'un « *Step Wedge* » pour lancer une nouvelle courbe.

Bandes d'échelonnage

Lorsque vous travaillez avec un film, il n'est pas pratique d'exposer plusieurs films à chaque fois qu'une mesure doit être réalisée. Comme la réponse du film change avec la température et la chimie de la développeuse de film et éventuellement, d'un lot de film à l'autre, un étalonnage est requis lorsque le film est utilisé pour réaliser des mesures. Pour des raisons pratiques, nous avons fourni des outils permettant de définir une bande d'étalonnage à échelons et d'utiliser cette bande pour générer des courbes d'étalonnage à utiliser avec les

films de mesure. La bande à échelons peut être produite par un coin « *Step Wedge* » par exemple. Nous pouvons utiliser la dosimétrie de film pour étalonner le coin, puis utiliser ce coin « *Step Wedge* » pour produire des courbes d'étalonnage.

Étalonner une bande à échelons



Fenêtre contextuelle *Calibrate Step Strip* (Étalonner une bande à échelons)

Une bande à échelons est une séquence de zones de dose constantes (échelons de dose) qui peuvent être produites à l'aide d'un coin « *Step Wedge* ». Une structure de données correspondante peut être créée à l'aide de la fenêtre contextuelle *Calibrate step strip*. Il convient avant tout de sélectionner une courbe d'étalonnage afin de convertir en dose les valeurs de signal sur l'image d'une bande à échelons. La courbe d'étalonnage détermine si la variable dépendante est la dose ou les UMs relatifs. Lors de l'utilisation d'un film, les films d'étalonnage et les films de bande à échelons devraient être lancés en même temps.

Généralement, la lecture et l'affichage d'une image de la bande à échelons sont réalisés. La fenêtre contextuelle *Show pixel value* (Afficher la valeur de pixel) est utilisée pour mesurer les valeurs de pixel de chaque échelon. Normalement, commencer par l'échelon initial qui sera le premier, ou le numéro un, puis continuer dans l'ordre jusqu'au dernier échelon. Pour chaque échelon, une valeur de signal sera saisie, à l'aide de la fenêtre contextuelle *Show pixel value*, par exemple. La valeur de signal est ensuite convertie en dose à l'aide de la courbe d'étalonnage. Les paramètres enregistrés pour définir la bande à échelons sont le

nombre d'échelons et la dose attribuée à chaque échelon. Vous pouvez désactiver la fonction d'incrément automatique de l'échelon et saisir les échelons dans n'importe quel ordre. Depuis la liste déroulante, vous pouvez sélectionner des paires de données à supprimer. Les paires de données peuvent être triées par ordre croissant des échelons si vous n'avez pas saisi les données dans l'ordre. Pour terminer, vous devez enregistrer la bande à échelons dans un fichier en cliquant sur le bouton Enregistrer sous. La bande à échelons sera enregistrée dans un sous-répertoire StSp.d dans le répertoire de données spécifié par le fichier DataDir.loc dans le répertoire de ressources du programme. Vous pouvez créer des sous-répertoires dans StSp.d pour organiser vos données.

Utiliser une bande à échelons

	Signal	Dose	Relative MU
1	208.828125	0.034542	Relative MU
2	204.015625	1.052425	Relative MU
3	200.250000	1.876515	Relative MU
4	175.921875	5.159154	Relative MU
5	146.250000	9.873014	Relative MU

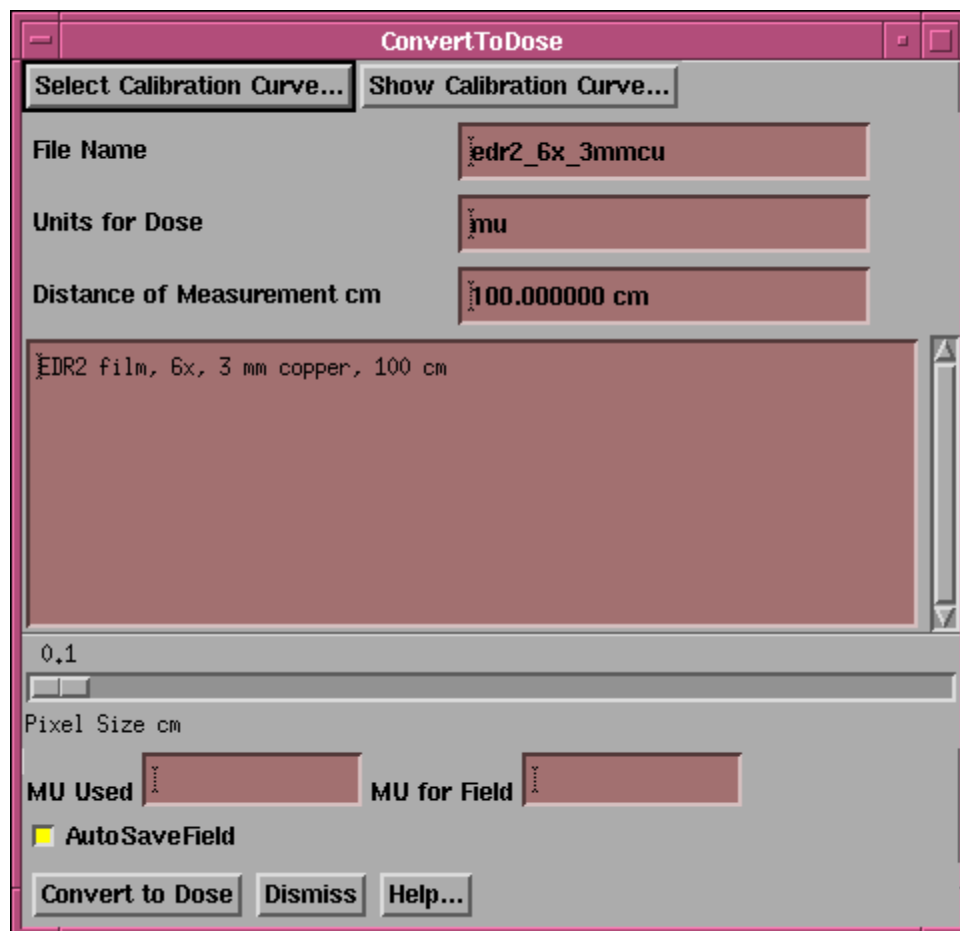
Fenêtre contextuelle *Use Step Strip* (Utiliser une bande à échelons)

Une fois que vous avez créé une bande à échelons, vous pouvez l'utiliser pour créer des courbes d'étalonnage. Il suffit de créer une image du coin « *Step Wedge* » en même temps que l'acquisition de l'image de mesure de données. Ici, nous n'utilisons pas le terme film parce qu'il n'y a pas de restriction à un film pour obtenir des images. Dans tous les cas, comme une dose est attribuée à la bande à échelons, la dose pour chaque échelon peut désormais être associée à la valeur de signal de l'image actuelle de l'échelon afin de produire

une courbe d'étalonnage. La fenêtre contextuelle *Show pixel value* peut à nouveau être utilisée pour mesurer chaque échelon. En activant la fonction de mesure lorsque le bouton de la souris est relâché et l'incrémentation automatique des échelons, il est possible de mesurer rapidement chaque échelon à l'aide de la souris en déplaçant la zone de mesure sur chaque échelon et en relâchant le bouton de la souris sur chaque échelon dans l'ordre. Après avoir mesuré chaque échelon, cliquer sur le bouton *Fit Data* (Ajuster les données) afin d'ajuster une courbe de la manière décrite ci-dessus pour n'importe quelle courbe d'étalonnage. Les paires de données de la liste déroulante peuvent être sélectionnées afin de les supprimer. Le bouton *Sort* (Trier) permet de trier les données dans l'ordre croissant d'échelon. Une description peut être saisie pour la courbe.

Afin d'être utilisée, la courbe d'étalonnage doit être enregistrée à l'aide du bouton *Save As* (Enregistrer sous) en saisissant un nom de fichier. Les sous-répertoires peuvent être créés pour organiser vos données. Une courbe d'étalonnage créée ici n'est pas différente de celle créée ci-dessus à l'aide de la fenêtre contextuelle *Calibration curve* (Courbe d'étalonnage). La courbe d'étalonnage générée ici peut être utilisée pour convertir l'image de champ en dose ou en UM relatif (en fonction de la courbe d'étalonnage utilisée pour étalonner la bande échelonnée).

Convertir en Dose/Fluence



Fenêtre contextuelle *Convert to Dose/Fluence* (Convertir en dose/fluence)

Afin de convertir une image en dose, activer l'image de champ comme cadre actif en cliquant à l'aide de la souris sur l'image. Ensuite, cliquer sur le bouton dans un cadre vide où l'image de dose convertie apparaîtra. Vous devez sélectionner une courbe d'étalonnage à partir de la fenêtre contextuelle convertir en dose. La description de la courbe d'étalonnage apparaîtra avec le nom du fichier, les unités de la dose et la distance de mesure.

Une taille de pixel différente sera attribuée à l'image de dose à partir de 0,1 cm. Le curseur peut être utilisé pour sélectionner une taille de pixel plus importante si cela est nécessaire. En bas de la fenêtre contextuelle se trouvent des champs qui permettent de mettre la dose à l'échelle en fonction du rapport entre le nombre d'UM planifié pour le champ et le nombre d'UM utilisée pour réaliser l'image. Ceci peut être utilisé dans le cas où le dispositif d'imagerie ne dispose pas de la plage dynamique pour enregistrer la totalité de l'exposition. Cliquer sur le bouton *Convert To Dose/Fluence* (Convertir en dose/fluence) pour lire l'image entrante sélectionnée, convertir chaque pixel en dose ou fluence et afficher l'image résultante dans le cadre vide sélectionné. Le résultat est stocké dans un tableau à virgule flottante qui est converti en image à afficher. Vous devez enregistrer le champ d'image converti en fichier afin de l'utiliser avec la fonction Dosimetry Check. Cet enregistrement peut être réalisé dans le menu déroulant *Dose/Fluence Functions* (Fonctions dose/fluence). Cependant, le fait de laisser le bouton *AutoSaveField* activé permet d'enregistrer le champ

de dose converti avec l'étiquette de champ comme nom de fichier. Une fois que le champ est converti, une fenêtre contextuelle demande l'étiquette de champ. Vous n'aurez pas à enregistrer le champ en effectuant une opération distincte. Si un fichier avec le même nom existe déjà, vous serez invité à l'écraser ou à annuler l'écriture et saisir une autre étiquette. Lorsque vous quittez la barre d'outils *FieldDose/Fluence*, vous serez averti s'il existe des images que vous n'avez pas enregistrées dans un fichier.

Il suffit de continuer à sélectionner de nouveaux cadres à convertir et des cadres vides pour placer les images converties à l'aide de cet outil, pour toutes les images de champ positionnées. Vous pouvez disposer toutes les images de champ en une rangée et les images converties dans la rangée en dessous. Dans DosimetryCheck, les fichiers d'images de champ sont toujours affichés.

Normaliser le champ

The image shows a software dialog box titled "NormalizeField". It has a grey background and a standard Windows-style border. At the top, there are two buttons: "Select Dosimeter Calibration File" and "Make Dosimeter Calibration File". Below these are four input fields, each with a red rectangular box for text entry. The labels for these fields are "Temperature (Celsius)", "Pressure (mm Hg)", "Distance of Measurement cm", and "Reading". Below the input fields is a button labeled "Compute Dose or Rel MU". At the bottom of the dialog, there are two more red rectangular boxes, one labeled "Dose" and one labeled "Relative MU". The very bottom of the dialog contains three buttons: "Apply", "Dismiss", and "Help...".

Fenêtre contextuelle *Normalize Field* (Normaliser le champ)

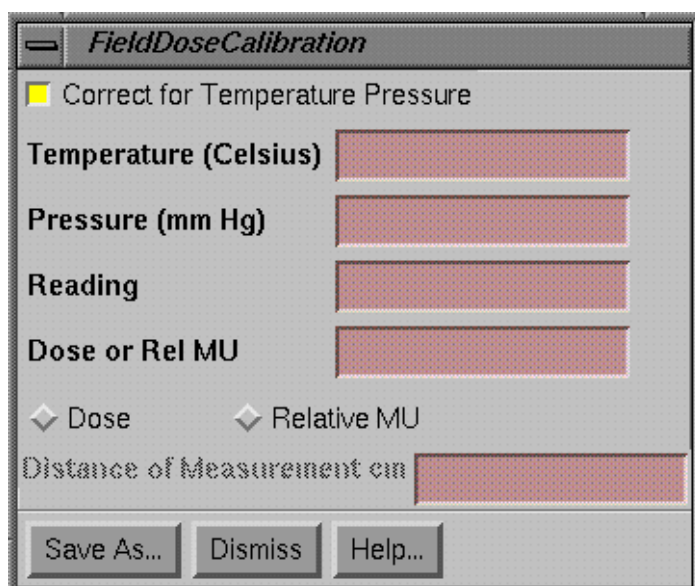
La fenêtre contextuelle *Normalize field* vous permet de normaliser une image de dose en fonction d'une image mesurée en quelques points de cette image. Vous pouvez utiliser un détecteur à diode ou une chambre d'ionisation pour mesurer la valeur. Vous pouvez utiliser un fichier d'étalonnage pour convertir une lecture en dose ou en UMs relatifs ou vous pouvez saisir directement la valeur. Pour une chambre d'ionisation, vous pouvez demander au programme d'appliquer la correction de température et de pression.

Pour utiliser un fichier d'étalonnage, appuyer sur le bouton *Select* (Sélectionner) pour sélectionner le fichier. Pour une chambre d'ionisation, vous devez saisir la température et la pression si cette option a été sélectionnée lorsque le fichier d'étalonnage a été créé. Saisir la lecture et appuyer sur le bouton *Compute Dose or Relative MU* (Calculer la dose ou l'UM relatif) afin de convertir la lecture en dose ou en UM relatif.

Une fois que vous disposez de la valeur de normalisation, appuyer sur le bouton *Apply* (Appliquer), le curseur change de forme. Ensuite, à l'aide de la souris, cliquer sur le bon endroit de l'image de dose de champ. Utiliser l'outil contextuel « *Show Dose* » (Afficher la dose) pour vérifier que la dose a bien été renormalisée comme prévu.

Créer un fichier d'étalonnage de dosimétrie

L'outil pour créer un fichier d'étalonnage de dosimétrie se trouve dans la fenêtre contextuelle *Normalize Field* (Normaliser le champ) activée en sélectionnant le bouton *Normalize to Value* (Normaliser à la valeur) dans le menu déroulant *Dose/Fluence Functions* (Fonctions Dose/Fluence). Cet outil permet de créer un fichier qui convertit la lecture de dosimétrie en dose ou en nombre d'UM relatif.



FieldDoseCalibration

☐ Correct for Temperature Pressure

Temperature (Celsius)

Pressure (mm Hg)

Reading

Dose or Rel MU

☐ Dose ☐ Relative MU

Distance of Measurement cm

Save As... Dismiss Help...

Fenêtre contextuelle *Dosimeter Calibration* (Étalonnage du dosimètre)

À l'aide du bouton d'activation sélectionner si la température et la pression doivent être corrigées. Un détecteur à diode ne nécessite pas de correction contrairement à une chambre d'ionisation. En cas de correction de la température et de la pression, saisir la température et la pression auxquelles la lecture a été effectuée. Les lectures à différentes températures et pressions seront converties à cette température et cette pression. Saisir la lecture dans le champ de texte de lecture. Ensuite, saisir la dose ou l'UM relatif pour cette lecture. Le rapport de ces deux chiffres sera utilisé pour convertir les lectures futures. À l'aide du

bouton radio, vous devez sélectionner si la dose est une dose absorbée ou un nombre d'UM relatif. Le résultat peut uniquement être appliqué aux images de champ de dose qui ont été converties à l'aide d'une courbe d'étalonnage du même type. Pour les UM relatifs, la distance à laquelle la lecture a été effectuée doit être saisie. La loi en carrés inverses sera appliquée aux UM relatifs.

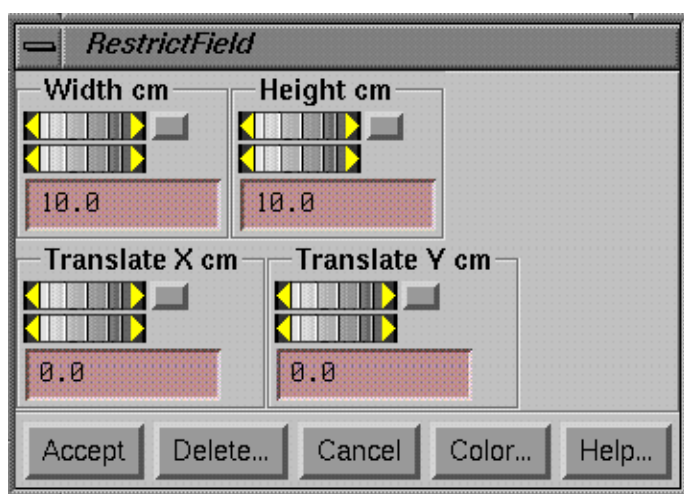
Pour finir, appuyer sur le bouton *Save As* (Enregistrer sous) pour enregistrer les données dans un fichier. Vous serez invité à donner un nom de fichier. Le fichier sera enregistré dans un sous-répertoire *CalFieldDose.d* dans le répertoire de données spécifié par le fichier *DataDir.loc* dans le répertoire de référence du programme. Vous pouvez également spécifier un sous-répertoire afin d'organiser vos données.

Composer une image de Dose/Fluence à partir d'images partielles

Si la totalité de l'image d'un champ ne cadre pas sur un seul film (ou la surface d'un imageur), vous pouvez acquérir le champ en plusieurs parties et combiner les images de différentes parties du champ afin de reconstituer l'image complète. Vous pouvez également utiliser ces outils pour ajouter les doses de deux ou plusieurs images ou pour calculer la moyenne de dose de deux ou plusieurs images. Ces opérations sont uniquement appliquées à l'image d'un champ de dose après la conversion en dose ou en UM relatifs.

Afin de rassembler une image à partir d'images partielles, utiliser l'outil *Restrict Area* (Restreindre une zone) pour définir les zones valides de chaque image partielle. Ensuite, utiliser *Combine Dose/Fluence Fields* (Combiner les champs de dose/fluence) pour créer l'image finale.

Restreindre une zone



Fenêtre contextuelle *Restrict Area* (Restreindre une zone)

Utiliser la fenêtre contextuelle pour définir un rectangle dans une image de dose qui contient des données d'image. Vous pouvez faire cela pour réduire les grandes marges importantes afin de réduire le temps de calcul d'un faisceau. Étant donné la zone d'une fluence de champ mesurée, des faisceaux étroits sont générés. Si la zone est plus petite, moins de faisceaux étroits sont générés. Par exemple, si vous utilisez une image EPID de 30 x 40 cm, des faisceaux étroits seront générés sur cette zone de 30x40 cm (sauf si le faisceau étroit n'intercepte pas le patient). Si la zone irradiée est réellement une petite zone, il est inutile de calculer des faisceaux étroits pour lesquels une intensité nulle ou quasi nulle sera attribuée. La réduction du nombre de faisceaux étroits créés réduira le temps de calcul.

Ou vous pouvez également faire cela pour rassembler un plus grand champ à partir d'images de parties de champ (sur la barre d'outils *Field Dose/Fluence*). Créer un cadre avec une image de champ active avant de sélectionner cette option en cliquant sur le cadre à l'aide de la souris (un bord rouge autour du cadre désigne un cadre actif).

S'il s'agit d'une simple réduction de zone, le résultat est automatiquement enregistré dans un fichier si l'image est lue à partir d'un fichier enregistré. Sinon, vous devez choisir d'enregistrer dans un fichier depuis la barre d'outils *Field Dose/Fluence*.

Composer une matrice de dose/fluence

Si vous devez créer une matrice de fluence, vous pouvez uniquement le faire à l'aide de la barre d'outils *Field Dose/Fluence*. Réaliser cela à l'aide de l'un des programmes *Convert***Images*, si vous les avez utilisés pour traiter les images. Pour rassembler un nouveau champ de fluence, ne pas laisser le rectangle englober une zone dans le champ où il n'y a pas de données d'image, mais où les données proviendront d'une autre image. Seules les zones englobées dans les rectangles de toutes les zones sélectionnées seront moyennées ou ajoutées. Sélectionner l'image de dose en activant son cadre à l'aide de la souris. Utiliser les commandes de largeur et de hauteur de la fenêtre contextuelle *Restrict Field* (Restreindre le champ) pour contrôler la taille du rectangle. Utiliser les commandes de translation pour déplacer le rectangle dans l'image. Vous pouvez également utiliser la souris pour déplacer une zone. Il suffit d'appuyer à l'aide du bouton gauche de la souris dans un angle et de déplacer la souris dans un coin opposé, puis de relâcher la souris.

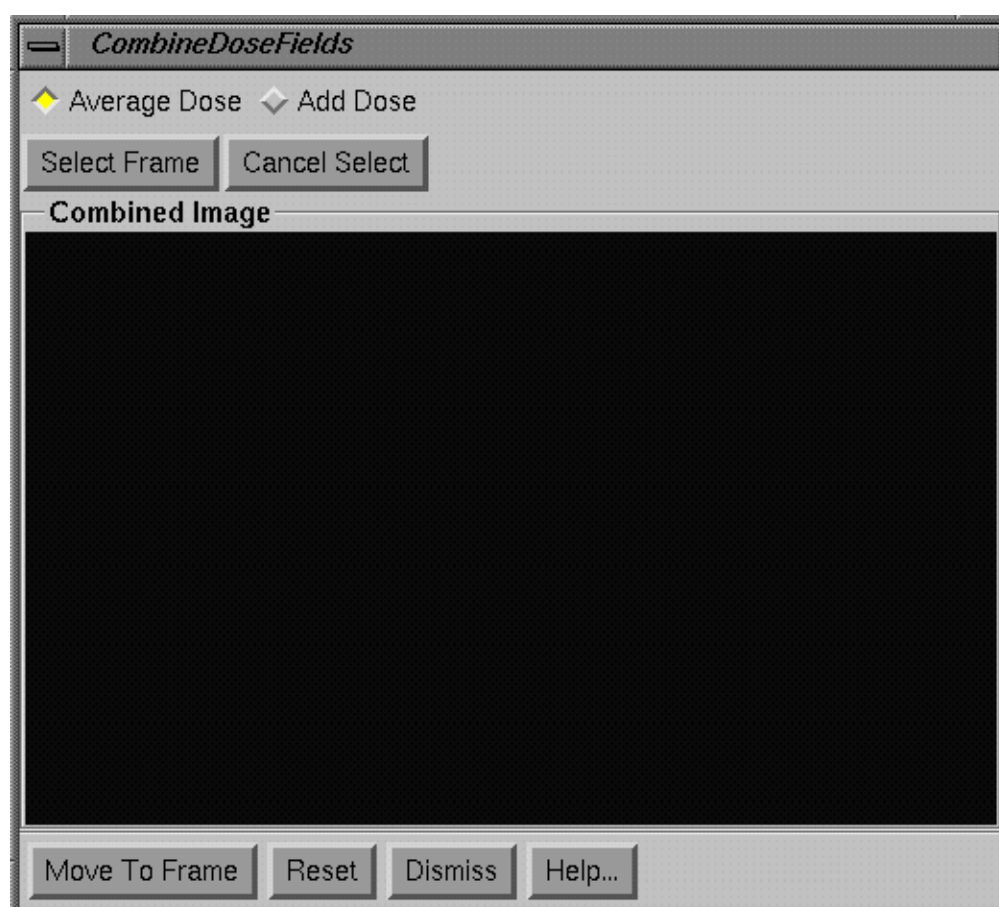
Une fois que ceci est fait, cliquer sur le bouton *Accept* (Accepter). Le rectangle sera redessiné dans la couleur active. Si vous désirez modifier la zone, vous pouvez toujours rappeler la fenêtre contextuelle *Restrict Field* pour modifier la zone ou appuyer sur le bouton *Delete* (Supprimer) afin de retirer la restriction. Vous pouvez également changer la couleur dans laquelle la zone sera dessinée lorsque la fenêtre contextuelle est réduite. Utiliser la fenêtre contextuelle *Combine Dose/Fluence Fields* (Combiner les champs de dose/fluence).

Ajouter ou moyenner les images de dose de champ/fluence

Vous pouvez utiliser l'outil *Combine Dose/Fluence Fields* (Combiner les champs de dose/fluence) pour ajouter ou calculer la moyenne de plusieurs images de dose afin d'en créer une nouvelle.

Combiner les champs de dose/Fluence

Sélectionner cette option dans le menu déroulant Dose. Ici, vous pouvez sélectionner différents cadres à ajouter ou moyenner. Cependant, tous les cadres doivent contenir une image avec la même taille de pixel, la même taille de champ et du même type, dose ou UM relatif.



Menu contextuel *Combine Dose Fields* (Combiner les champs de dose)

À l'aide de la fenêtre contextuelle *Combine Dose/Fluence Fields*, vous construirez l'image un cadre à la fois. Sélectionner tout d'abord s'il s'agit d'une moyenne ou d'une addition des images. Si vous rassemblez une image de sous-images, vous sélectionnerez une moyenne. Si vous devez ajouter une série de champs pour une somme, vous sélectionnerez additionner. Pour chaque cadre, appuyer sur le bouton de sélection de cadre, puis cliquer dans le cadre à l'aide de la souris. Le curseur change d'aspect. Un clic de souris peut être nécessaire afin d'activer le cadre et le suivant pour sélectionner les données dans le cadre. La totalité de

l'image sera déplacée de la fenêtre contextuelle sauf si la zone est restreinte à l'aide de la fenêtre contextuelle *Restrict Area*. Dans ce cas, seules les données dans la zone restreinte seront copiées dans la zone d'image contextuelle. Appuyer sur le bouton *Cancel* (Annuler) si vous changez d'avis à propos du déplacement des données dans un autre cadre.

Le bouton *Reset* (Réinitialisation) en bas de la fenêtre contextuelle vous permet d'effacer l'image actuelle et de recommencer. Une fois que cela est fait, vous pouvez copier l'image dans un cadre vide à l'aide du bouton *Move To Frame* (Déplacer vers le cadre). Vous devez effectuer un déplacement dans un cadre si vous allez enregistrer l'image de dose dans un fichier.

Afficher la valeur de champ de dose/fluence



Afficher la dose de champ

Afin d'afficher les valeurs de champ dans une image de champ, utiliser la fonction *Show Dose/Fluence Value* (Afficher la valeur de dose/fluence dans les Fonctions *Dose/Fluence* du menu déroulant. Cette fenêtre contextuelle utilise une fois de plus la fenêtre contextuelle *Show Pixel Value* afin de mesurer les zones dans l'image sélectionnée. La différence entre cet outil et celui du menu déroulant *Image de champ* est qu'ici les valeurs de pixel de l'image sont en dose ou fluence alors qu'avec le premier une courbe d'étalonnage doit être sélectionnée pour convertir les valeurs ce pixel. Pour afficher le tableau de champ sous forme d'image, les valeurs de pixel doivent être mises à l'échelle. Cependant, ceci n'affecte pas les valeurs actuelles enregistrées pour chaque pixel. Cet outil contextuel affiche la dose ou les UMs relatifs, en fonction de la source.

Libellé de champ

Sélectionner un cadre contenant une image de champ. Ensuite, sélectionner *Label* (Libellé) sous le menu déroulant *Dose/Fluence Functions* (Fonctions dose/fluence). Le libellé actuel apparaît s'il existe. Vous pouvez saisir un nouveau libellé. Le libellé apparaîtra en haut du cadre. Cette méthode permet de libeller clairement chaque image de champ dont vous disposez.

Enregistrer le champ dans un fichier

Vous ne pourrez pas utiliser le tableau de champ produit ici tant que vous ne l'avez pas enregistré dans un fichier. Le tableau de champ sera enregistré dans un fichier à l'aide du libellé saisi lorsque les données d'image sont converties avec le bouton *AutoSaveField* activé. Sinon, pour enregistrer un tableau dans un fichier, sélectionner le cadre contenant le tableau de champ (une image convertie en dose ou fluence) en activant la fenêtre. Ensuite, sélectionner *Save* (Enregistrer) sous le menu déroulant *Dose/Fluence Functions* (Fonctions dose/fluence). Vous serez invité à saisir un nom de fichier. Le champ sera enregistré dans le répertoire du patient dans un sous-répertoire appelé *FluenceFiles.d*. Vous pouvez également créer des sous-répertoires afin d'organiser vos données. Lorsque ce fichier est sélectionné avec le programme Dosimetry Check, une copie est faite et stockée dans le répertoire du faisceau auquel la fluence de champ appartient. Chaque faisceau sera stocké dans un sous-répertoire du plan respectif et le plan est stocké dans le répertoire du patient.

Recharger un champ

Une fois qu'un champ est enregistré, il est possible de le rappeler et de l'afficher à nouveau. Sélectionner un cadre vide dans lequel l'image apparaîtra, puis sélectionner *Retrieve Field* (Récupérer un champ) dans le menu déroulant *Dose/Fluence Functions*. Vous serez invité à sélectionner le nom de fichier de l'image de champ. L'image de champ peut ensuite être renormalisée, puis sauvegardée, par exemple.

Afficher les courbes d'isodose

En sélectionnant *Isodose Curves On* (courbes d'isodose activées) dans le menu déroulant *Dose*, les courbes d'isodose seront tracées dans les données. La dose maximum dans le tableau est trouvée, puis les valeurs sont dessinées par incréments de dix pour cent. Les incréments et les couleurs utilisés sont dans le fichier *TenPercentIsodose* du répertoire de ressources du programme. Le but est simplement de montrer le niveau de doses qui existe et nous n'avons pas prévu d'outil pour sélectionner l'affichage de chaque valeur. Le libellé de chaque courbe est la valeur de dose de cette courbe. Pour désactiver l'affichage de l'isodose, sélectionner *Isodose Curves Off* (Désactiver les courbes d'isodose). Seul le cadre actif sera affecté par l'un ou l'autre choix.

Copie papier

La fonction d'impression d'écran du System 2100 est utilisée pour faire des copies papier des images. Cliquer à l'aide de la souris dans un cadre, puis appuyer sur la touche Impr. écran du clavier. Vous pouvez imprimer la totalité sur une feuille ou sélectionner un facteur d'agrandissement. Vous pouvez utiliser la souris de la fenêtre contextuelle pour sélectionner une zone dans l'image à imprimer.

Fichiers

S'il est fourni en tant que programme distinct, le nom du fichier à exécuter est *FieldDose*. Une licence distincte sera nécessaire. Le fichier ressource du programme est *FieldDoseRes*. Ce fichier doit se trouver dans le répertoire racine de l'utilisateur ou il sera copié dans le répertoire */usr/lib/X11/app-defaults* sous Linux.

Les données sont stockées dans les sous-répertoires du répertoire spécifié dans le fichier DataDir.loc dans le répertoire de ressources du programme. Les sous-répertoires sont :

1. CalDCur.d où les courbes d'étalonnage sont stockées.
2. StSp.d où les fichiers de bande échelonnée sont stockés.
3. CalFieldDose.d ou les fichiers d'étalonnage sont stockés pour mesurer les doses de points.

La dose de champ active est stockée dans le répertoire du patient, dans le sous-répertoire FluenceFiles.d. Le programme Dosimetry Check copie chaque fichier sélectionné pour un faisceau dans le répertoire de ce faisceau. Ceci entraînera au moins deux exemplaires des mêmes données, l'un dans le répertoire FluenceFields.d et l'autre dans le répertoire du faisceau.

Le fichier TenPercentIsodose est lu pour définir les niveaux d'isodose à tracer lorsque les courbes d'isodose sont affichées.

Les autres fichiers nécessaires pour le programme sont détaillés dans la documentation du System 2100. La suppression des anciens fichiers ou des répertoires est effectuée par l'utilisateur à l'aide des outils systèmes de l'ordinateur.

SECTION 3 : JEU D'IMAGES PRIMAIRES EMPILEES

Spécifier le jeu principal d'images empilées

Un jeu de d'images empilées doit être associé à chaque plan. Le jeu d'images empilées est choisi lors de la création du plan. Ce jeu d'images empilées est le jeu principal d'images et il fournit la limite de la peau et la conversion de pixel en densité. La dose peut être affichée dans d'autres jeux d'images fusionnées, mais le calcul de dose se base sur la limite de la peau et la densité définies par le jeu principal d'images empilées. Généralement, il s'agit d'un jeu de données CT, car le nombre de pixels CT peut être traduit en valeurs de densité.

Setting the skin boundaries (Définition de la limite de la peau)

Dans la barre d'outils *Contouring* (Contour) se trouve l'outil *Body Surface Contouring* (Contour de la peau). Si cet outil est utilisé pour créer les contours, ces contours définiront par défaut la limite de la peau. La limite de la peau définit ce qui est à l'intérieur du patient et ce qui est à l'extérieur. Si cet outil n'est pas utilisée ou est utilisé plusieurs fois ou si le volume résultat est copié ou en cas d'ambiguïté à propos de ce qui définit la limite de la peau, l'utilisateur peut sélectionner formellement le volume qui représente la limite de la peau. Depuis le menu principal, dans *Stacked Image Sets* (Jeux d'images empilées), choisir Options puis *Skin* (Peau) pour sélectionner la barre d'outils de peau.



La barre d'outils Peau.

La barre d'outils indique le nom du jeu d'images empilées actif qui a été choisi à l'aide de la barre d'outils Options et elle fournit un menu déroulant permettant de sélectionner le volume qui définira la limite de la peau. Le choix actuel, le cas échéant, apparaît à droite du menu déroulant. Si vous n'avez pas encore créé de volume qui représente la limite de la peau, vous devez le faire avant tout, à l'aide des outils de contour fournis dans le menu *Contouring* de la barre d'outils principale.

Image pixel to density conversion (Conversion du pixel d'image en densité)

Il doit exister un moyen de convertir les valeurs de pixel dans le jeu principal d'images empilées en densité, soit en densité d'électrons par rapport à l'eau ou en gm/cc. Ceci se fait en créant une courbe de conversion utilisée pour convertir la valeur en pixel, la variable indépendante, en densité, la variable dépendante. Un ajustement polynomial de la valeur de pixel par rapport aux paires de données de densité est réalisée pour créer cette courbe. Les courbes sont enregistrées et elles peuvent être utilisées de manière répétée par différents jeux d'images empilées.

Afin de sélectionner ou de créer une courbe de conversion de densité, aller dans le menu déroulant « *Stacked Image Set* » (Jeux d'images empilées) dans la barre d'outils principale.

Sélectionner Options et s'assurer de sélectionner le jeu d'images empilées. Ensuite, cliquer sur le bouton *Density* (Densité) et la barre d'outils *Density* apparaît.



La Barre d'outils *Density*.

Le nom du jeu d'images **empilées** actuel apparaît à droite du bouton Retour dans la barre d'outils de densité. Les options de la barre d'outils *Density* sont détaillées ci-dessous.

Show Scanner (Afficher scanner)

Le bouton *Show Scanner* affiche une fenêtre contextuelle avec le nom du fabricant de l'équipement d'imagerie, généralement un scanner CT, la modalité de l'image (un code à deux caractères du fichier image Dicom (0008,0060) et le KVP, s'il est connu pour le CT.



Fenêtre contextuelle Show Scanner

Avertissement : autres modalités d'images :

Le logiciel n'interdit pas d'utiliser des modalités d'imagerie différentes de CT pour le jeu principal d'images empilées mais généralement, la conversion des valeurs de pixel en densité n'est pas possible avec d'autres modalités. Dans ces cas, il n'est pas possible de corriger les homogénéités de dose dans la densité de tissu. Ainsi, l'utilisateur devra créer et attribuer une courbe constante selon laquelle les valeurs de pixel sont déterminées en fonction de la densité de l'eau.

Select CT Number to Density Curve (Sélection de la courbe de conversion du nombre CT en densité)

Le bouton *Select curve* (Sélectionner la courbe) affichera la liste des courbes de conversion de densité existantes afin d'en sélectionner une qui sera utilisée avec le jeu d'images empilées. Ces courbes sont stockées dans le sous-répertoire DenCur.d dans le répertoire pour les données spécifié par le fichier DataDir.loc dans le répertoire de ressources du

programme. L'utilisateur attribue le nom de fichier lorsque la courbe est créée. Une fois sélectionnée, la courbe est associée de manière permanente au jeu d'images empilées. Aucune copie de la courbe n'est effectuée depuis le répertoire de données et si le fichier était supprimé, l'association serait perdue.

Defaut CT Number to Density Curve (Courbe de conversion du nombre CT en densité par défaut)

Après avoir sélectionné une courbe, l'utilisateur peut désigner la courbe comme étant la courbe par défaut. Les futurs nouveaux jeux d'images empilées seront créés par défaut à partir de cette courbe tant que l'utilisateur n'en choisit pas d'autre. Le nom par défaut de la courbe est stocké dans le fichier « *DefaultPixeltoDensity* » du même répertoire DenCur.d.

Create/Edit Curve (Créer modifier la courbe)

The dialog box titled "PixelVersusDensity" contains the following elements:

- Input fields for "Pixel" and "Density".
- An "Add To Data List" button.
- A table with two columns: "Pixel" and "Density".
- Buttons at the bottom: "Select All", "UnSelect All", "Delete Selected Items", "Dismiss", "Save As...", "Read Existing File...", and "Help...".

Pixel	Density
Pixel = 24.0	Density = 0.000
Pixel = 146.0	Density = 0.195
Pixel = 460.0	Density = 0.495
Pixel = 929.0	Density = 0.910
Pixel = 1029.0	Density = 1.008
Pixel = 1158.0	Density = 1.130
Pixel = 1398.0	Density = 1.420
Pixel = 2083.0	Density = 2.170

Fenêtre contextuelle *Create pixel to density conversion curve* (Créer la courbe de conversion de pixel en densité).

La création d'une courbe se fait en deux étapes. La première est la création de la liste des paires de données, valeurs pixel et densité. La seconde est l'ajustement d'une courbe aux paires de données. Cette procédure est gérée par l'outil contextuel *Create/edit curve* (Créer/modifier la courbe). La fenêtre contextuelle « *Show pixel value* » (afficher la valeur du pixel) apparaîtra également et elle peut être utilisée pour mesurer les valeurs de pixel lors d'un scan d'étalonnage. Il est possible d'acheter des fantômes contenant des inserts équivalents aux tissus afin de générer des courbes d'étalonnage (Gammex RMI, Middleton,

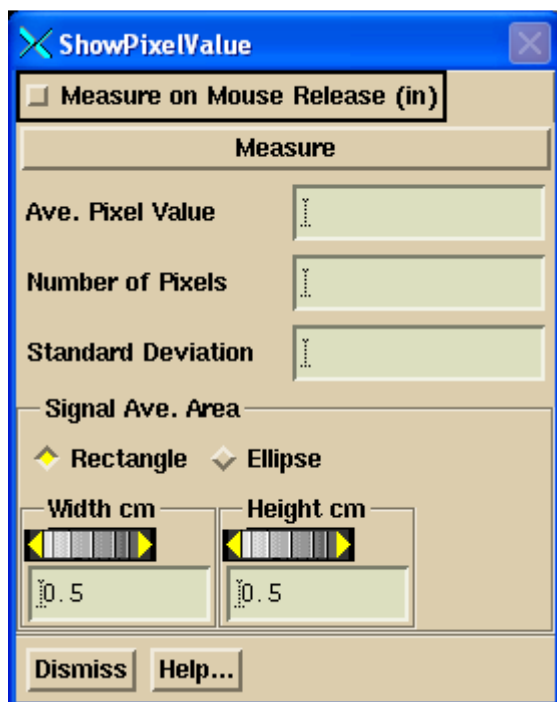
WI 53562, www.gammex.com ; CIRS, Norfolk VA 23513, www.cirsinc.com ; et Nuclear Associates, Carle Place, NY 11514, www.nucl.com proposent également des fantômes CIRS).

Avertissement : la courbe ne sera pas extrapolée au-delà des valeurs saisies.

La plage de densité devrait commencer à 0 pour l'air et atteindre la valeur d'os la plus élevée réalisable. Comme un ajustement polynomial ou une interpolation linéaire point à point est utilisée, les valeurs de densité ne seront pas extrapolées au-delà de la plage qui est saisie ici. La valeur d'os la plus élevée qui est saisie ici sera la densité la plus importante possible. Pour les pixels avec des valeurs supérieures, la valeur d'os la plus élevée sera indiquée. Il en va de même pour l'autre extrémité de la courbe, les valeurs de pixel les plus petites renverront à l'extrémité la plus faible de la courbe, ce qui est la raison pour laquelle la courbe devrait commencer à zéro.

Les valeurs de pixel font référence aux valeurs dans les images qui composent le jeu d'images empilées. Les nombres Hounsfield ne sont pas utilisés ici. Pour les scans CT, une valeur de 1024 correspond généralement à la densité de l'eau ou un nombre Hounsfield de zéro. Un nombre Hounsfield d'une valeur de -1000 correspondrait alors à une valeur de pixel de 24. Généralement, une valeur de pixel nulle se trouve en dehors du cercle de reconstruction d'un scanner CT.

Les valeurs de pixel peuvent être mesurées à l'aide de la fenêtre contextuelle « Show pixel value » (Afficher la valeur de pixel) ou elle peut être saisie dans le champ de texte fourni. La densité correspondante doit être saisie.

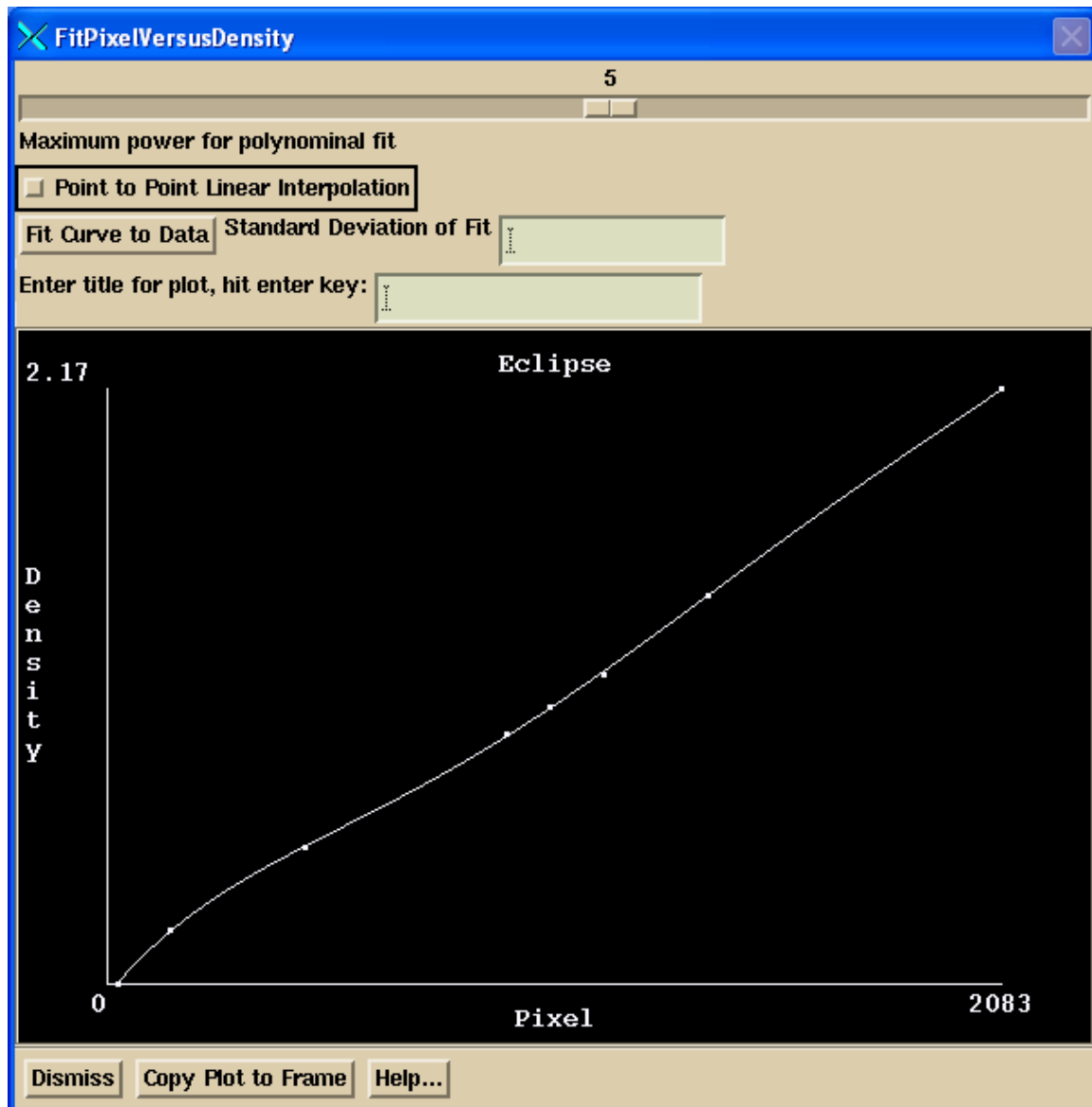


La densité est spécifiée par rapport à l'eau dont la valeur relative est de 1,0. La diffusion *Compton* est généralement proportionnelle à la densité d'électrons et vous pouvez saisir une densité d'électrons par rapport à l'eau au lieu d'une densité en gm/cc. Appuyer sur la touche entrée dans le champ de texte de densité ou sur le bouton « *add to data list* » (Ajouter à la liste de données) à l'aide de la souris pour transférer la paire de données actuelle à la liste apparaissant dans la zone de texte déroulée. Les éléments de la liste peuvent être sélectionnés afin de les supprimer. Une description de la courbe doit être saisie. Les données doivent être triées en valeur de pixel en cliquant sur le bouton « *Sort* » (trier). Lorsque toutes les données sont saisies, cliquer sur le bouton « *Fit Data* » (Ajuster les données) pour ajuster un polynôme aux données.

Si vous pensez avoir saisi des valeurs dépassant la plage de votre fantôme, nous vous recommandons d'utiliser la méthode « *Point to Point Linear Interpolation* » (Interpolation linéaire de point à point) ci-dessous, car l'ajout d'une valeur trop importante peut biaiser l'ajustement polynomial en faveur des densités de tissus plus élevées.

Noter que les données d'une courbe existante peuvent être sélectionnées pour être lues.

Fit Pixel Density Data Pairs to a Curve (Ajuster les paires de données de densité de pixel à une courbe)



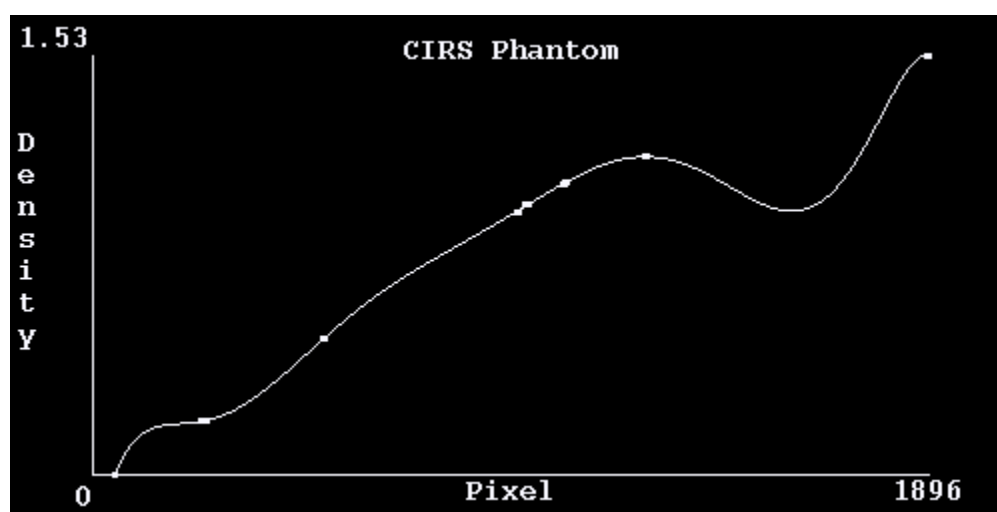
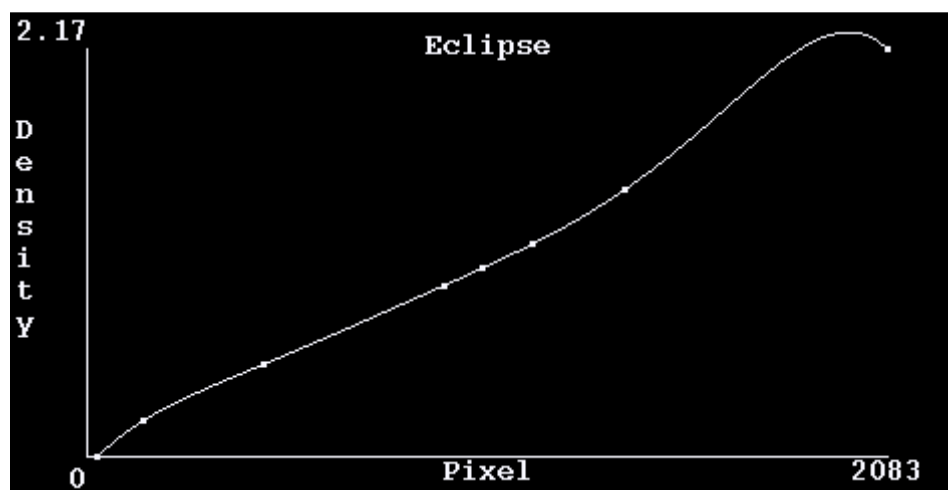
Fenêtre contextuelle *Fit Pixel Versus Density* (Ajuster les pixels par rapport à la densité)

La fenêtre adapter les pixels par rapport à la densité offre l'outil permettant d'adapter les données à un polynôme ou d'effectuer une interpolation linéaire de point à point). Cette fenêtre contextuelle apparaît lors de la saisie des données à l'aide de l'outil susmentionné.

Ajustement polynomial

Un curseur permet de sélectionner l'ordre du polynôme de 0, une constante, à une limite d'ordre de 9. Vous devez avoir plus de paires de données que l'ordre. Vous devriez sélectionner l'ordre le plus élevé qui génère une courbe lisse dans les données. Il convient d'essayer différents ordres et de cliquer sur le bouton « *Fit Curve To Data* » (Ajuster la courbe aux données). La courbe est superposée sur le graphique des paires de données tracées dans la partie inférieure de l'outil contextuel. L'écart type de l'optimisation est également affiché. Vous remarquerez que plus vous augmentez l'ordre d'un polynôme, plus la courbe commence à osciller et à passer par tous les points de données.

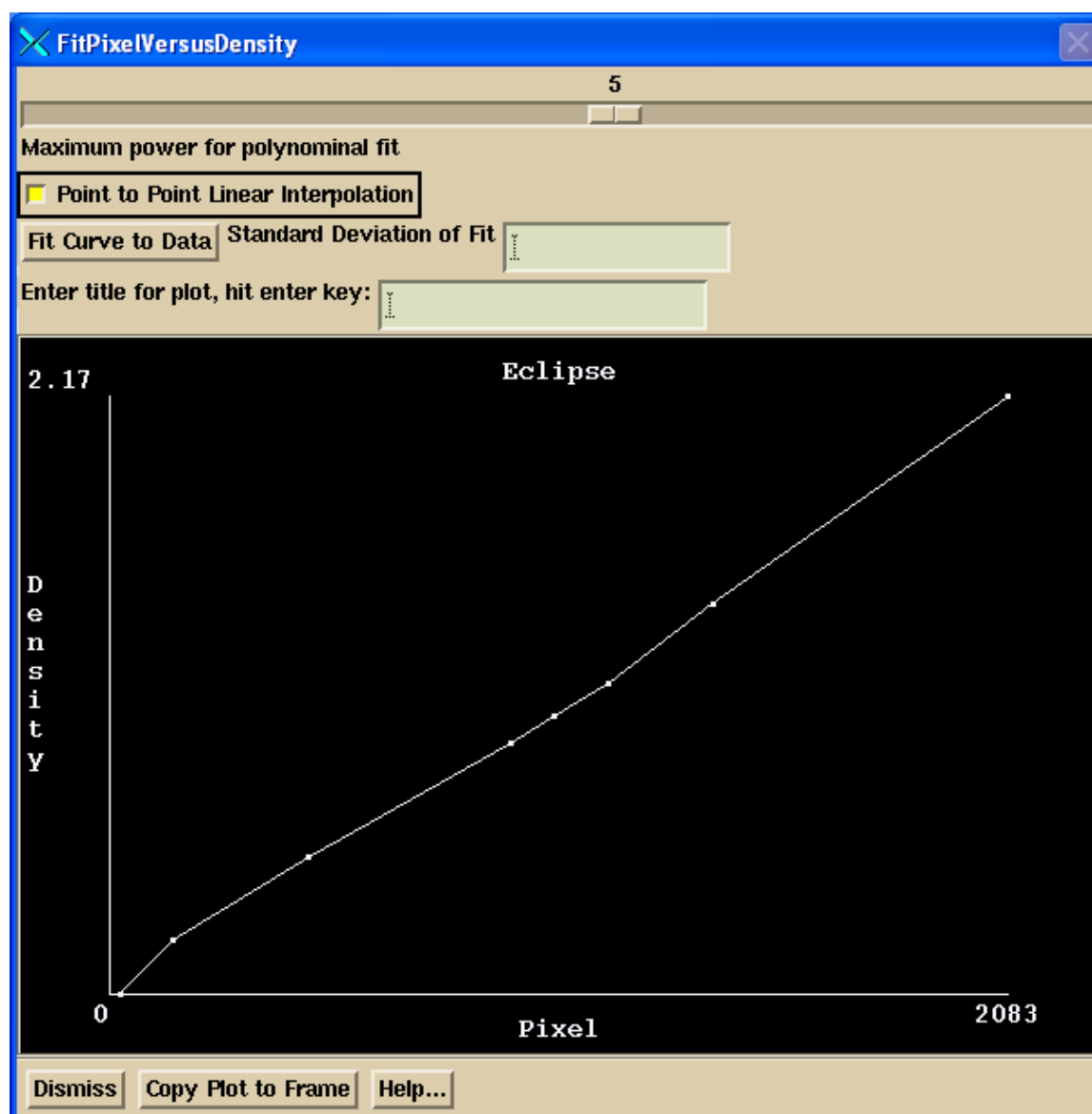
Exemples d'ordres d'adaptation polynomiale trop élevée :



Il faudra réduire l'ordre du polynôme pour éviter que cela n'arrive. Pour la spécification d'une courbe constante, il suffit de saisir les paires de données ayant toutes la même densité de 1,0 et de sélectionner un ordre de zéro, comme (0.0, 1.0) suivi de (4096.0, 1.0). Afin de spécifier une droite pour un scan CT simulé par le programme « *CreateSquareCTScan* » fourni à des fins de test, saisir (0.0, 0.0), (1024.0, 1.0) et (4096.0, 4.0).

Point to Point Linear Interpolation (Interpolation linéaire de point à point)

En plus de l'ajustement polynomial, vous pouvez choisir d'effectuer une interpolation linéaire de point à point, comme cela est illustré ci-dessous :



Dans ce cas, les données doivent être triées par ordre croissant par nombre CT de pixel et la valeur de densité en fonction du nombre CT ne peut être décroissante. Utiliser le bouton *Sort* (Trier) de l'outil de saisie de données ci-dessus afin de trier les données saisies. Vous ne

pouvez pas utiliser cette méthode pour associer plusieurs densités à la même valeur de pixel. Vous devrez calculer la moyenne des densités pour ne saisir une seule valeur.

Curve Title (Titre de la courbe)

Un titre peut être saisi pour l'affichage dans le champ de texte fourni. Veiller à appuyer sur la touche entrée à la fin de la saisie. Le bouton « *Copy Plot to Frame* » (Copier le graphique dans le cadre) peut être utilisé pour afficher la courbe et les données dans un cadre à l'écran.

Lorsque l'ajustement est satisfaisant, appuyer sur le bouton *Dismiss* (Fermer).

Enregistrer la courbe de conversion de densité

Cliquer sur le bouton Save As (Enregistrer sous) pour enregistrer la courbe. Vous serez invité à saisir un nom de fichier pour la courbe. Saisissez un nom décrivant la courbe afin de la reconnaître à l'avenir. Une fois que vous avez enregistré la courbe, vous devez la sélectionner pour le jeu d'images empilées à l'aide du bouton « *Select* » (Sélectionner) de la barre d'outils « *Density* ». Si vous n'enregistrez pas la courbe, elle ne sera pas utilisée.

Un exemple est illustré ci-dessous :

```
/* File format version */ 2
// Title of the curve:
<*CIRS Phantom*>
// Description of the curve:
<*CIRS Phantom, GE High Speed CT*>

/* Point to point interpolation, 0 is off, 1 is on: */ 0
// If ON, below polynominal fit is NOT used.

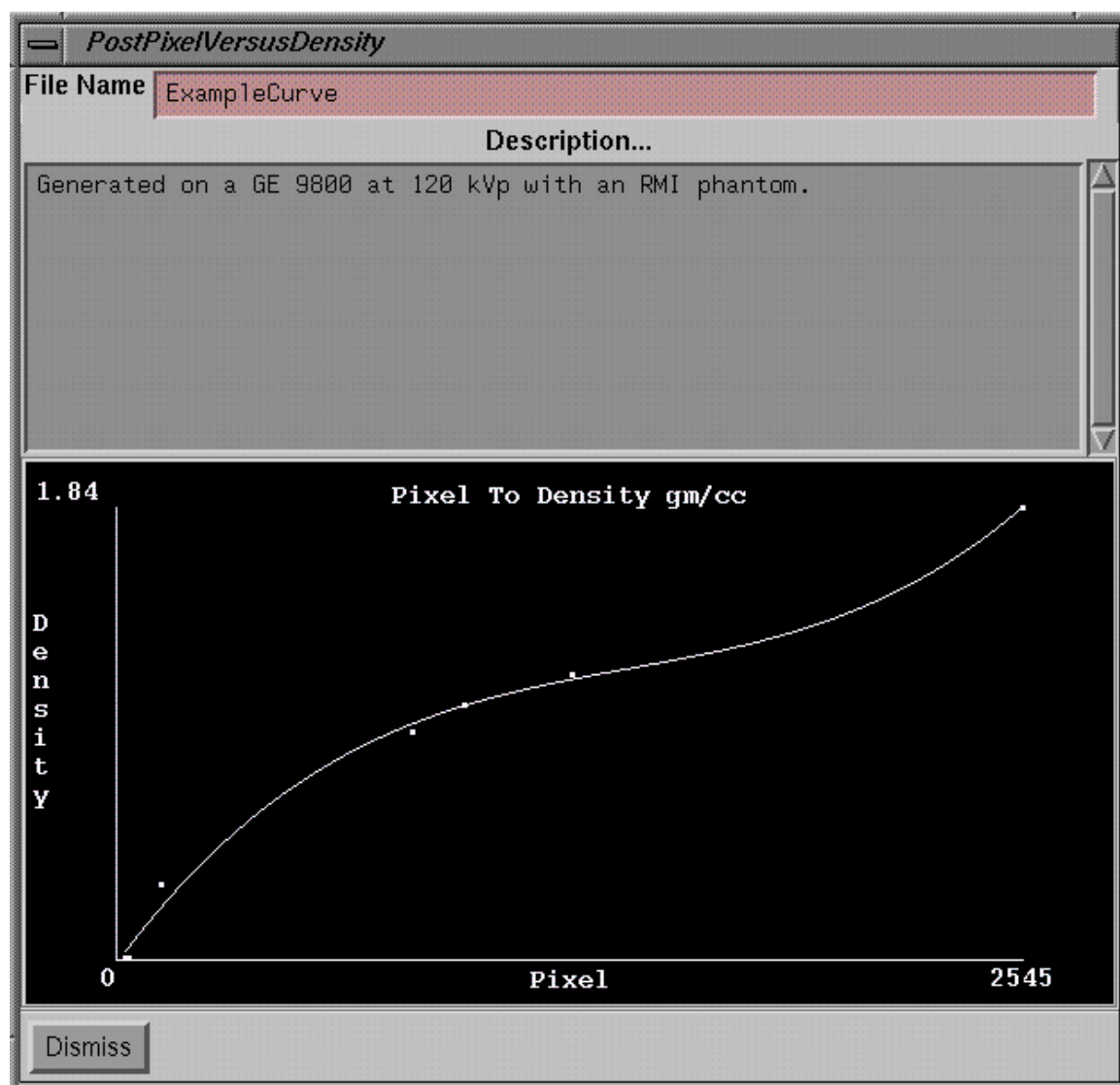
/* Polynominal power range */ 4
// Fit parameters:
-0,02414482662
0,0005517499482
1.541587399e-006
-1.436522148e-009
3.682452427e-013
/* Fit variance = */ 0.001481
```

```

/* minimum signal = */ 49.400002
/* maximum signal = */ 1896.000000
/* minimum density = */ 0.000000
/* maximum density = */ 1.530000
/* signal label: */ <*Pixel*>
/* density label: */ <*Density*>
/* Number of data pairs: */ 17
//  signal    density
    49.400002   0.000000
    246.000000   0.200000
    256.899994   0.200000
    521.400024   0.500000
    525.599976   0.500000
    961.799988   0.960000
    965.400024   0.960000
    980.500000   0.990000
    987.200012   0.990000
    1067.800049   1.060000
    1069.699951   1.060000
    1070.199951   1.070000
    1072.900024   1.070000
    1252.900024   1.160000
    1256.800049   1.160000
    1892.099976   1.530000
    1896.000000   1.530000

```

Afficher la courbe de conversion de la densité

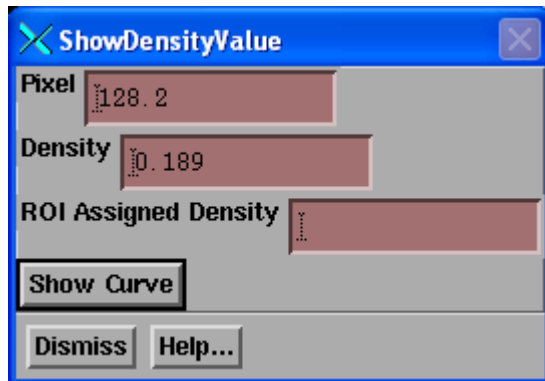


Fenêtre contextuelle *Show Pixel to Density Curve* (Afficher la courbe de pixels en fonction de la densité)

Cliquer sur le bouton « *Show Curve* » (Afficher la courbe) pour afficher la courbe active pour le jeu d'images empilées actif sélectionné sous « Options » dans la barre d'outils précédente.

Show Density (Afficher la densité)

L'outil afficher la densité permettra de déterminer la valeur de densité pour des points visibles sur les images du jeu principal d'images empilées. Vous pouvez utiliser la fenêtre contextuelle « *Show Pixel Value* » (Afficher la valeur de pixel) sur les images du jeu d'images empilées. La densité sera calculée à partir de la courbe calibration de pixel en densité actuellement sélectionnée pour le jeu d'images empilées.



Les outils affichent les pixels à l'endroit où vous avez cliqué à l'aide de la souris. -1000 Hounsfield aura une valeur de pixel de 24, 0 Hounsfield une valeur de 1024. La densité affichée est celle calculée à partir de la valeur de pixel. Si le point est dans une région d'intérêt délimitée à laquelle une densité a été attribuée et que cette fonction est activée (voir ci-dessous) alors la densité attribuée est également affichée (ou la moyenne des densités attribuées).

Set Density of ROI Structures (Définir la densité des structures ROI)

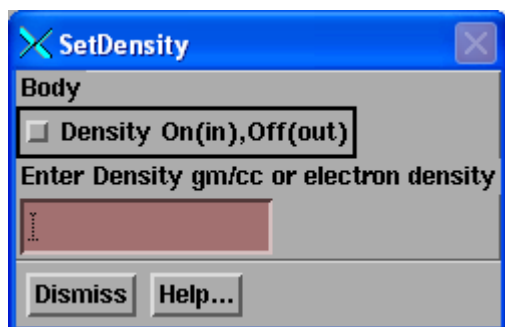
Vous pouvez définir la densité d'une structure ROI. Cette densité sera utilisée au lieu de la calculer à partir des nombres CT.

Remarque : dans des versions antérieures au 26 mars 2012, seule la partie de la structure ROI qui se trouve à l'intérieur du contour externe du corps sera utilisée dans le calcul. Dans les versions du 26 mars et postérieures, les zones ROI en dehors de la limite du corps sont également prises en compte.

Si deux ou plusieurs structures ROI différentes (avec une densité définie) se chevauchent, la densité moyenne sera utilisée pour les zones de chevauchement.

Il faudra faire attention au cas où une ROI distincte désigne un trou. Dans ce cas, une nouvelle ROI sera générée à partir de la ROI active, avec l'exclusion de la ROI du trou. Si la ROI dispose d'un contour interne qui désigne un trou, alors, l'option « *Allow Holes* » (Autoriser les trous) doit être activé. Voir les instructions ci-dessous pour la modélisation du plateau de la table de traitement, par exemple.

La densité peut être réglée à partir de la barre d'outils principale -> Contours -> menu déroulant Volume -> *Set Density* (Définir la densité).



Cliquer sur le bouton d'activation de la densité et saisir une valeur. Désactiver le bouton pour désactiver la fonction.

Structures externes : Bolus, plateau de la table de traitement

Dans toutes les versions de DosimetryCheck postérieures au 26 mars 2012, un volume ROI ou toute partie d'un volume ROI qui se trouve en dehors du contour externe du corps sera pris en compte dans le calcul du parcours d'un rayon. Si aucune densité n'a été attribuée au volume ROI, alors la conversion nombre CT en densité sera utilisée. Sinon la densité attribuée sera utilisée, mais avec la mise en garde que si deux ou plusieurs ROI avec une densité attribuée se chevauchent, alors une densité moyenne est calculée à partir des densités attribuées. De ce fait, le bolus peut être délimité en dehors du volume ROI peau-corps et une densité peut être attribuée. La table de traitement peut être délimitée et une densité peut lui être attribuée. Mais il faudra déterminer s'il existe un contour intérieur. Des trous seront autorisés dans un volume ROI pour un tel contour d'intérieur, s'il est envisagé que ces trous sont en dehors du volume, comme ceci est détaillé plus bas.

Tout point qui n'est pas dans un volume ROI ne sera pas pris en compte et une densité de zéro sera attribuée.

Si vous voulez que les structures en dehors de la ROI peau-corps soient prises en compte, mais que vous n'avez pas besoin d'attribuer de densité, vous pouvez créer un ROI comprenant ces zones. Ceci peut être aussi simple qu'un contour dans chacune des tranches CT d'extrémité qui définissent le jeu d'images empilées, tant que les contours définissent une zone commune de chevauchement lorsqu'elle est visualisée perpendiculairement aux plans dans lesquels ils se trouvent. Deux contours dans la même ROI qui se chevauchent créeront un volume entre eux, indépendamment de la distance qui les sépare.

Voir plus bas les instructions pour les premières versions de DosimetryCheck.

Modélisation du plateau de la table

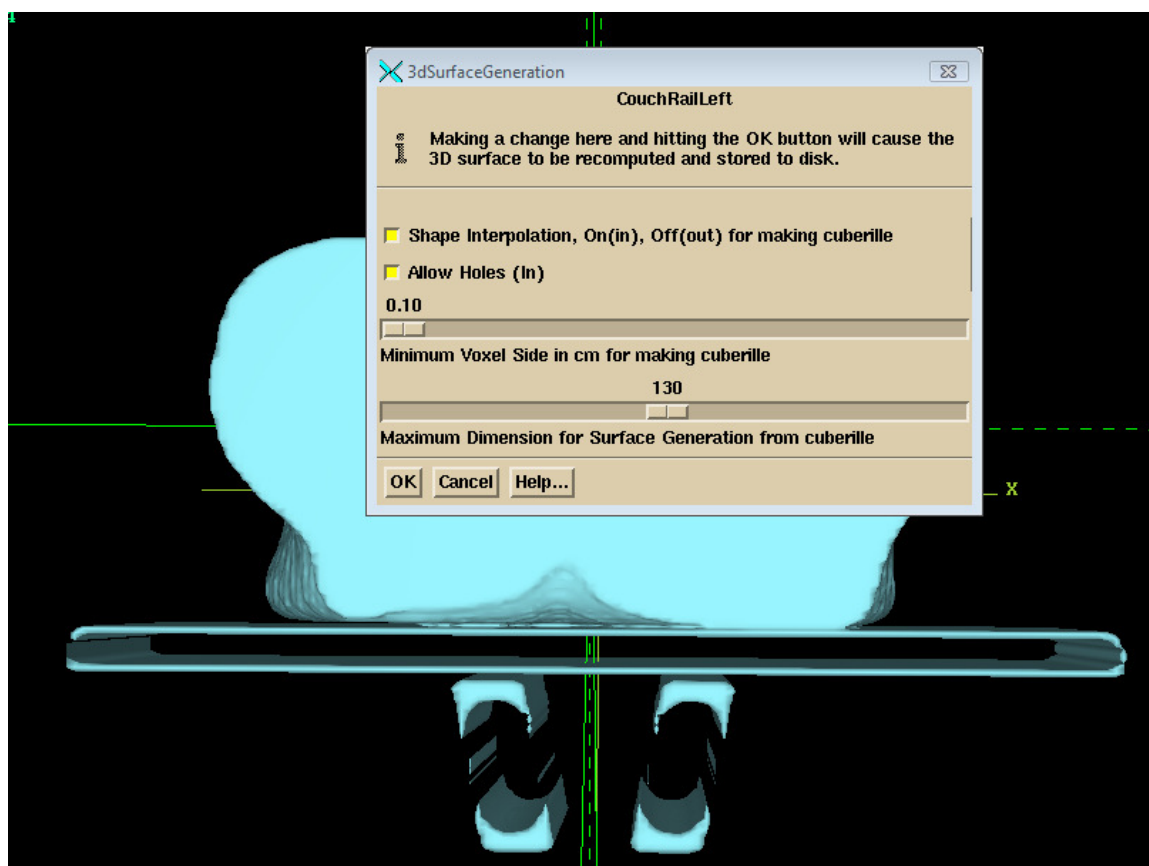
Pour la table de traitement, assurez-vous de tenir compte des éléments creux du plateau. Si les éléments creux sont une ROI distincte, vous devez créer une nouvelle ROI comprenant la même ROI, mais avec l'intérieur de la ROI en moins. Attribuer une seule densité à cette nouvelle ROI. Si une densité a été attribuée à la ROI d'origine, vous devez la désactiver. Utiliser les outils dans le menu déroulant « *Volume* » de la barre d'outils *Contouring*. Sélection « *New Volume From Old* » (Nouveau volume à partir d'un ancien). Cette fonction se trouve dans le manuel System2100 dans la section « *Outlining Regions of Interest* » (Délimiter les régions d'intérêt). Sinon, à l'endroit où le trou devrait se trouver, la densité attribuée sera toujours attribuée et si une densité a également été attribuée au ROI interne, la moyenne des deux sera utilisée au lieu du volume chevauchant.

Si les trous sont des contours dans la même ROI, alors il faut avant tout activer la fonction d'autorisation de trou dans une ROI. Dans la barre d'outils *Contouring*, sélectionner chaque ROI d'intérêt, puis dans le menu déroulant « *Volume* » sélectionner « *Voxel/Surface Generation* » (Création de voxel/surface) et sélectionner « *Allow Holes* » (Autoriser les trous)

(la fonction est en jaune). L'intérieur ne fera plus partie de la ROI et la densité assignée ne sera plus appliquée.

Dans tous les cas, utiliser l'outil « *Show Density* » pour vérifier que la procédure a été correctement appliquée. L'outil « *Show Density* » se trouve dans la barre d'outils Option du menu *Stacked Images Set*. Depuis la barre d'outils principale, sélectionner « Options » dans le menu déroulant « *Stacked Image Set* » cliquer sur la barre d'outils « *Stacked Image Set Options* », puis sélectionner « *Density* » pour atteindre la barre d'outils *Density*.

Si la procédure a été convenablement suivie, une partie supérieure de lit avec un intérieur creux devrait ressembler à cela :



Modélisation de la table et bolus dans les premières versions de DosimetryCheck

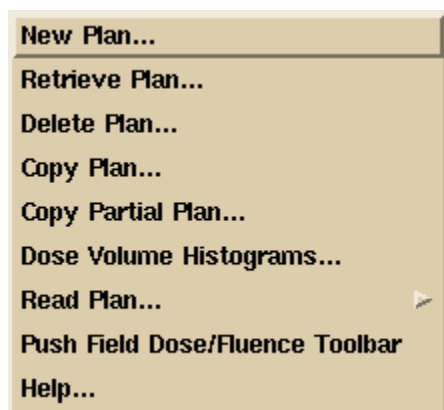
Avant le 26 mars 2012, DosimetryCheck ne tenait pas compte des structures externes qui pouvaient se trouver dans le faisceau. Cependant, il est toujours possible d'en tenir compte de la manière suivante. Dans le menu déroulant Volume de la barre d'outils Contouring, sélectionner « *New Volume From Old* ». Cette fonction se trouve dans le manuel System2100 dans la section « *Outlining Regions of Interest* » (Délimiter les régions d'intérêt). Il suffit de sélectionner la structure externe, qu'il s'agisse d'un bolus ou de la partie supérieure d'un lit

et de sélectionner la structure actuelle de limite du corps afin de former une union entre deux ou plusieurs structures. Ensuite, vous devez sélectionner cette nouvelle structure comme structure de limite du corps. Vous avez fait croire au programme qu'il devait inclure ces deux structures comme faisant partie du corps. Toute densité définie dans l'une des structures incluses sera utilisée de la manière décrite ci-dessus. Sachez qu'un histogramme de volume de la nouvelle structure de corps combinée inclura les nouveaux volumes ajoutés. Cependant, dans ce cas, il suffit de sélectionner la structure du contour externe du corps originale pour l'histogramme.

Pour la table, assurez-vous de tenir compte des éléments creux du plateau. Si les composants creux sont une ROI distincte, sélectionner ces ROI afin de les soustraire de l'union du contour externe et des autres composants.

SECTION 4 : PLANS

Menu déroulant Plans



Le menu déroulant Plans

Le menu déroulant « Plans » se trouve dans le menu principal. Les options qui ne font pas partie de la fonction Dosimetry Check mais qui pourraient faire partie d'une planification générale de traitement sont grisées ou n'apparaissent pas. Les plans de Dosimetry Check sont enregistrés dans le répertoire du patient, dans un sous-répertoire distinct, ckpn.d.

Les options pour créer un nouveau plan, récupérer un plan actuel, modifier un plan existant, copier un plan ou effacer un plan figurent dans le menu déroulant Plans. Lorsqu'un plan est récupéré, son nom sera ajouté en bas du menu déroulant afin d'y accéder rapidement par la suite depuis la barre d'outils principale.

La fonction « *Copy Plan* » (Copier le plan) copie la totalité du plan. La fonction « *Copy Partial Plan* » (Copie partielle du plan) ne copie pas les fichiers de fluence ni les matrices de doses créées à partir du calcul de la dose. Ainsi, ce plan ne peut être calculé tant que la lecture des fichiers de fluence n'aura pas été réalisée pour les faisceaux.

Si vous avez téléchargé le plan, les faisceaux devraient être positionnés aux bons emplacements dans le jeu d'images empilées et aux bons angles. Sinon, vous devrez ajuster la position de l'isocentre et saisir les angles du bras, de la table et du collimateur pour chaque faisceau que vous créez. Les plans et les paramètres sont enregistrés dès que vous les créez ou les modifiez. Certains paramètres de faisceau sont enregistrés lorsque vous revenez à la barre d'outils de faisceau. Les matrices de dose sont enregistrées lorsque vous revenez à la barre d'outils de plan.

Il convient de remarquer que vous pouvez sélectionner ou créer plusieurs plans et que vous pouvez choisir d'afficher chaque plan dans différents cadres.

En récupérant ou créant des plans, le nom du plan sera ajouté en bas du menu déroulant afin d'y accéder rapidement.

Histogrammes Dose Volume

Vous pouvez calculer l'histogramme Dose volume pour les régions d'intérêt délimitées. La dose est celle calculée par DosimetryCheck, pas par l'autre système de planification du traitement. Le menu contextuel d'histogramme de volume apparaît ci-dessous. Voir les détails d'utilisation de cette option dans la section Plan du manuel RtDosePlan. Les histogrammes Dose volume sont fournis, car ils peuvent être utiles pour effectuer des comparaisons avec le système de planification. Pour résumer, vous pouvez sélectionner le même volume pour différents plans ainsi que différents volumes. Un clic sur le bouton calculer lance le calcul que vous pourrez arrêter quand la tracer des courbes sera aboutie.

Le nombre de point de calcul augmente au fur et à mesure que le calcul progresse. Lorsqu'un volume atteint une densité de 1000 (1000 points par cc) ce volume n'est plus calculé. Le calcul s'arrête dès que les volumes atteignent cette densité.

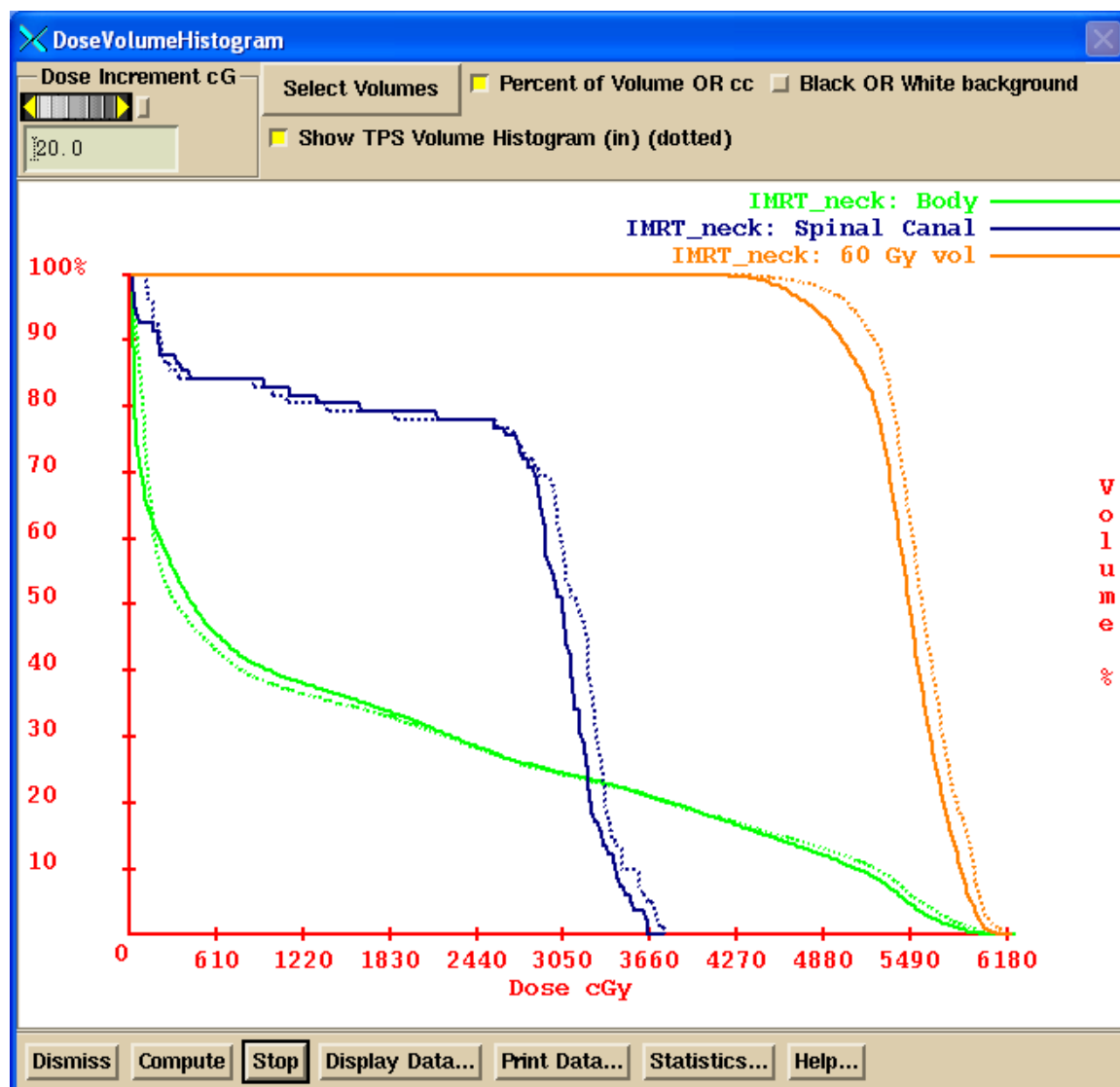
Voir : Andrzej Niermierko et Michael Goitein, « Random Sampling for Evaluating Treatment Plans, » Medical Physics, 17(5), Sep/Oct 1990, pages 753-762.

Nous continuons simplement à générer des points de calcul aléatoires jusqu'à l'activation du bouton d'arrêt ou dès que les volumes sélectionnés ont atteint une densité de 1000 points par cc.

Notez qu'il est possible d'afficher l'histogramme de volume cumulé en cc ou % du volume. Vous pouvez également passer d'un fond blanc à un fond noir et vice-versa.

L'histogramme Dose Volume peut également être recalculé et affiché à partir de la matrice de dose 3D importée du système de planification (appelée TPS ou Dose étrangère) et affiché en lignes pointillées.

Vous avez également accès à cette commande depuis le menu déroulant « *Evaluate* » (Évaluer) de la barre d'outils Plan.



Histogramme de volume de dose

Le bouton « *Display Data* » (Afficher les données) imprime les données dans un fichier, puis affiche le contenu du fichier, ce qui peut permettre de les intégrer dans un autre outil d'analyse ou de les imprimer. Le bouton de statistiques calcule les doses minimum et maximum, la dose moyenne et l'écart type de dose pour chaque volume, pour les doses reconstruites et les doses du plan.

Barre d'outils Plan



La Barre d'outils Plan.

Une fois que vous avez sélectionné ou créé un plan, la barre d'outils Plan s'affiche. Lors de la création d'un plan, vous devrez sélectionner le jeu principal d'images empilées. Ce jeu spécifiera la limite de la peau et la courbe de conversion des pixels en densités. Une fois que vous avez sélectionné le jeu principal d'images, vous ne pouvez pas le modifier. De ce fait, pour modifier un plan, vous devez le supprimer et en créer un nouveau. La barre d'outils affiche le nom du plan actuel dans un menu d'options. Vous pouvez sélectionner différents plans avec ce menu d'option parmi tous les plans qui ont été actuellement récupérés ou créés avec ce programme. Ensuite, le nom du jeu principal d'images empilées apparaît dans la barre d'outils dès qu'il est sélectionné, un menu d'options apparaît pour ce faire, si le jeu n'est pas sélectionné.

Si vous importez le plan à l'aide du protocole RTOG ou Dicom RT, le jeu d'images empilées aura été déterminé. Cependant, aucun des deux protocoles ne spécifie de donnée de conversion du nombre CT en densité, donc vous devrez la sélectionner. Aller dans le menu déroulant « *Stacked Image Set* » (Jeu d'images empilées) puis cliquer sur « Options ». Ensuite, sélectionner « Densité », puis une courbe. Le protocole Dicom RT permet de spécifier quel volume ROI est la limite de la peau, pas le protocole RTOG. Donc, si le protocole RTOG est utilisé, vous devrez également sélectionner le volume ROI qui représente la limite de la peau. Sélectionner « *Skin* » (Peau) dans le menu « Options » de la barre d'outils « *Stacked Image Set* » et sélectionner la ROI de la peau à l'aide du menu fourni. Si le contour de la peau n'a été importé, vous pouvez utiliser l'outil de contourage automatique de la peau dans la barre d'outils de contour. Voir le manuel System2100, section contourage.

Dosimetry Check essaiera de trouver les fichiers de dose pour chaque faisceau qui n'en a pas. Le programme recherchera les fichiers dont le nom contient le nom du faisceau. Tous les fichiers se rapportant à un faisceau spécifique seront ajoutés. Le répertoire de recherche est FieldDose.d, dans le répertoire du patient où un programme comme ConvertEPIDImages place les fichiers après la calibration et la déconvolution. Le nom du plan et le nom du faisceau apparaîtront sur chaque image de dose de champ. Les fichiers utilisés pour créer la dose de champ apparaîtront s'il y a de la place. Agrandir le cadre pour afficher tout le texte.

Menu déroulant *Beams* (Faisceaux)

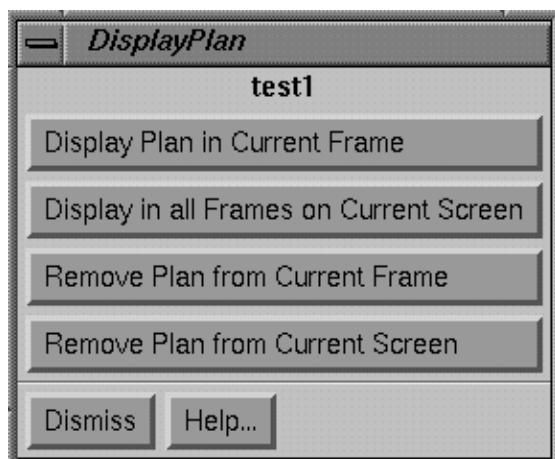
Le menu déroulant Beams permet de créer et de modifier des faisceaux appartenant au plan. Vous pouvez créer, modifier et supprimer des faisceaux. Lorsque vous créez un nouveau faisceau, il commence avec le même isocentre que le faisceau précédent dans le même plan, s'il n'est pas le premier faisceau du plan. Vous pouvez également créer un nouveau faisceau ayant le même isocentre et les mêmes angles qu'un faisceau précédent ou créer un nouveau faisceau parallèle et opposé à un faisceau existant. Depuis ce menu déroulant, vous pouvez sélectionner un faisceau et imposer son isocentre à tous les autres faisceaux. Chaque faisceau est stocké dans un sous-répertoire dans le sous-répertoire du plan.

Pour le programme Dosimetry Check, seuls les faisceaux de rayons X peuvent être sélectionnés. Actuellement, cette fonction n'est pas compatible avec les faisceaux d'électrons. La plupart des champs d'électrons est appliquée à une distance fixe et leur nombre d'unité moniteur sont proches de la dose délivrée, de ce fait les problèmes de contrôle de qualité ne sont pas aussi importants qu'avec les rayons X.

Menu déroulant *Display* (Affichage)

Les options se rapportant à l'affichage du plan se trouvent dans le menu déroulant. Comme il peut y avoir plusieurs plans pendant l'exécution d'un programme, les plans ne sont pas automatiquement affichés dans des

cadres. Vous devez plutôt sélectionner dans quels cadres afficher les plans. Vous pouvez spécifier un cadre spécifique parmi tous les cadres actuellement affichés. Cependant, le programme ne permettra pas d'afficher un plan sur une image qui n'appartient pas au jeu principal d'images empilées ni à un jeu d'images non fusionné au jeu principal d'images. Il est impossible d'afficher un plan dans un cadre qui affiche déjà un autre plan. Les faisceaux, les doses de point et les courbes d'isodose sont affichés, dans la mesure où ces derniers aussi sont sélectionnés pour être affichés.



Menu contextuel de contrôle de l'affichage d'un plan.

Un outil contextuel est proposé pour supprimer l'affichage un plan dans un cadre. Ce sont les mêmes commandes que pour l'affichage d'un plan, avec des commandes additionnelles pour retirer un plan d'un cadre ou un écran.

Des commandes d'activation et de désactivation de l'affichage d'un faisceau sont fournies. L'axe central du faisceau est dessiné sous forme de ligne pleine jusqu'à l'isocentre puis en tirets au-delà de l'isocentre. Les axes x, y et z du « BEV » sont dessinés et repérés. L'axe z est l'axe central du faisceau, positif vers la source de rayons X (il coïncide avec le rayon central). Avec la machine de traitement orientée vers le sol et sans rotation du collimateur, l'axe x est orienté de gauche à droite pour un observateur se tenant devant la table de traitement le regard tourné vers le statif. L'axe y est parallèle à l'axe longitudinal de la table de traitement sans rotation et orienté en direction du statif. L'origine est à l'isocentre. Le programme Dosimetry Check ne dispose pas du concept de taille de champ, car le champ est défini par une image mesurée du faisceau de rayons x (même si la structure de données dans le fichier d'image du champ contient les positions du collimateur).

Vous pouvez sélectionner un affichage par défaut en vue transverse, frontale, sagittale et salle 3D. Les plans de coupe peuvent être centrés sur l'ensemble de données CT, d'une région d'intérêt spécifiquement délimitée, d'un point spécifique ou de l'isocentre d'un faisceau. Cependant, généralement, les plans choisis correspondent à ceux affichés sur le système de planification. L'option de reformatage dans le menu déroulant « *Stacked Image Set* » de la barre d'outils principale est très utile pour cela.

Menu déroulant *Calculate* (Calculer)

Les éléments sous le menu déroulant « *Calculate* » permettent de réaliser des calculs de dose. Comme le temps de calcul peut être long, des commandes permettent de sélectionner de manière précise dans quels cadres la dose doit être affichée. Chaque cadre est calculé lorsqu'il est sélectionné pour afficher la dose. Le point chaud dans ce cadre calculé sera affiché et repéré d'un astérisque. Vous pouvez également choisir de calculer d'emblé la distribution de dose de tous les faisceaux dans l'intégralité du volume du patient afin de permettre l'évaluation de la dose en 3D.

Matrice de dose

Chaque faisceau dispose de sa propre matrice de dose avec une topologie divergente pour couvrir la totalité de la zone irradiée par le faisceau. Un faisceau d'arc-thérapie est simulé par plusieurs matrices de dose à des incréments angulaires spécifiés dans le plan. La résolution de la matrice en profondeur (suivant les rayons divergents) et celle dans le plan perpendiculaire sont également spécifiées dans le plan, en sorte que tous les faisceaux appartenant à un plan utilisent les mêmes paramètres. Chaque faisceau enregistre sa matrice dans son propre sous-répertoire dans le sous-répertoire du plan. Les matrices sont enregistrées dans des fichiers lors de la fermeture du plan en cliquant sur le bouton « *Return* » (Retour) sur la barre d'outils Plan.

Pour toute image plane bidimensionnelle affichée dans un cadre, une matrice bidimensionnelle sera générée afin de couvrir la totalité de l'image. Les mêmes paramètres de résolution spécifient la distance entre les points. Lorsque la dose est calculée, les coordonnées de chaque nœud de la matrice bidimensionnelle sont transmises à chaque faisceau. Le module du faisceau trouvera le plus petit parallélogramme, délimité par des rayons divergents, à l'intérieur duquel se trouve le point du calcul actuel. Il sera fait référence aux huit angles du parallélogramme lors de l'interpolation de la dose à la position du point transmis pour le calcul. En fonction des besoins, chaque faisceau calculera la dose en chaque nœud du parallélogramme divergeant : « calcul à la demande ». Lorsqu'il est fait référence à un nœud où la dose n'a pas encore été calculée, la dose est calculée à ce moment précis. Après le calcul de la dose dans un plan de coupe, tous les faisceaux auront des points calculés dans leurs matrices de dose. Plus le nombre de plans de coupe calculés est important, plus la matrice de dose de chaque faisceau est calculée. Si des modifications sont apportées à un faisceau spécifique, la matrice de ce faisceau est réinitialisée.

Pareillement, lorsqu'une dose dans une vue de salle en 3D est calculée, une grille rectangulaire de point de calcul est générée pour le volume du patient. De la même manière, chacun de ces points est transmis à chaque faisceau, afin qu'au bout de l'affichage en vue de la salle 3D, chaque faisceau ait très probablement calculé la dose en tous les nœuds de la grille.

Calculate All Beams 3D (Calculer tous les faisceaux en 3D)

L'option « *Calculate All Beams 3D* » force tous les faisceaux à calculer la dose en tous les points de leurs matrices de dose respectives.

Traitement en parallèle (*Multithreading*)

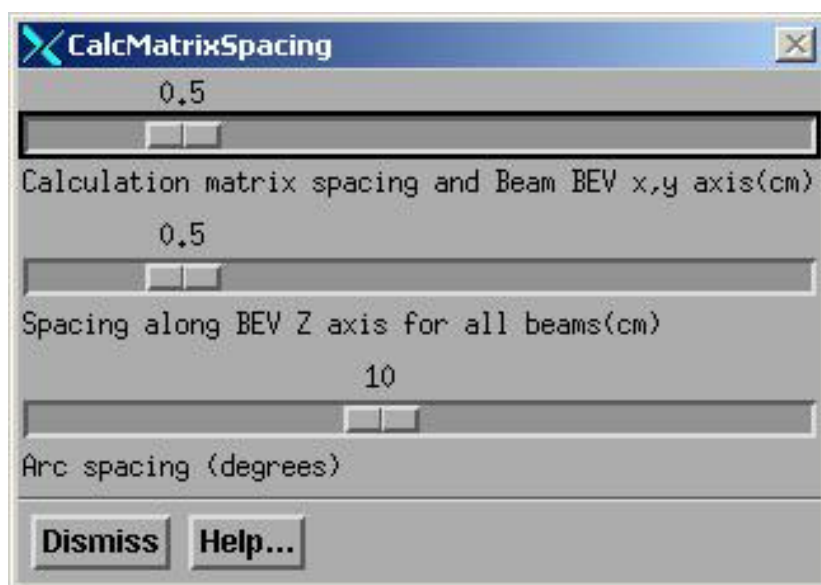
Les versions postérieures au 20 septembre 2012 sont compatibles avec le traitement parallèle. Le nombre de *thread* qu'une instance du programme peut créer est spécifié dans le fichier « *NumberOfThreads.txt* » dans le répertoire ressources du programme. Exemple :

```
/* file format version: */ 1
// The maximum number of threads a program is to create
// for parallel processing. This should be the number
// of hardware threads (we suggest setting one less).
// A value of 1 or less will turn off parallel processing 7
```

La performance ne sera pas meilleure si vous définissez plus de *thread* qu'il y a de *thread* matériels dans l'ordinateur. Un « 17 » bénéficie d'un total de 8, d'où 7 défini ci-dessus. (7 en plus du *thread* principal donne 8). Une valeur de 1 ou moins désactivera le traitement parallèle. Les instances multiples du programme ne sont pas prises en compte dans le nombre de *thread* qu'une instance va créer.

Toute demande de dose dans un volume complet de patient déclenchera également le calcul de tous les faisceaux actifs dans volume entier du patient et utilisera également le traitement parallèle. Ceci survient lorsque l'analyse gamma est invoquée, le calcul de histogrammes Dose Volume, des histogrammes différence de dose volume, la sélection du rapport automatique ou l'affichage de la dose en 3D. Si vous regardez d'abord les profils ou les courbes d'isodose, nous vous recommandons d'effectuer cette sélection pour calculer d'emblé la dose de tous les faisceaux en parallèle, ce qui pourrait être plus rapide que d'attendre la fin de chaque calcul à la demande décrite ci-dessus.

Résolution spatiale et angulaire de la matrice de calcul



Menu contextuel *Calculation Matrix Spacing Control* (Résolution de la matrice de calcul)

Une commande est disponible pour spécifier la résolution à utiliser pour toutes les matrices de dose et l'incrément de rotation pour simuler les faisceaux d'arcthérapie. Une modification apportée dans ce menu obligera les faisceaux à réinitialiser leurs matrices de dose. La matrice couvrant la distribution de dose dans les plans de coupe et la matrice pour les vues de la salle en 2D doivent également être actualisées si une modification de la résolution est apportée ici. L'utilisateur devra de nouveau sélectionner le cadre dans lequel il affichera la dose.

La résolution de la matrice de calcul est la distance entre les points sur les images bidimensionnelles et entre les matrices de dose tridimensionnelles. Chaque faisceau est interrogé afin de fournir une valeur à ces points. Chaque faisceau gère sa propre matrice de dose permettant l'interpolation des points. La résolution de la matrice de calcul est utilisée dans le plan perpendiculaire à l'axe central au centre du patient. La résolution le long de l'axe Z du BEV est l'espacement des points parallèle au rayon central. Vous pouvez utiliser une matrice de calcul avec une plus petite résolution, mais laissez une résolution en Z important, car le gradient de dose est moins important le long des rayons divergents.

La résolution d'arc est l'incrément à utiliser pour simuler un faisceau d'arcthérapie conventionnelle. Ce paramètre est ajusté par chaque faisceau en fonction de sa longueur d'arc, de manière à ce que l'arc soit simulé avec des faisceaux statiques équidistants.

Contrôle de trace de volume ROI

Tous les volumes ROI sont pris en compte collectivement lorsqu'ils sont tracés dans le jeu d'images empilées. Si, quelle qu'en soit la raison, vous ne voulez pas tenir compte d'un volume ROI, vous pouvez désactiver la prise en compte du volume dans le contexte particulier. Vous pourriez avoir besoin de faire cela si vous avez un volume qui déborde à l'extérieur du contour externe du patient, mais que vous ne voulez pas que cette protrusion soit prise en compte. Sachez que si une partie du volume (désactivé) est à l'intérieur d'un autre volume activé dans le contexte, le tracer de rayon prendra en compte, malgré tout, la partie du volume incluse dans l'autre. Ceci ne désactive pas toute densité attribuée au volume. Attention de ne pas désactiver le volume externe du patient, sinon, le calcul ne tiendrait pas compte du modèle du patient.

Points spécifiques

Pour le moment, un plan ne dispose pas de sa propre liste de points spécifiques. Au lieu de cela, la seule liste de points spécifiques est gérée par le jeu d'images empilées principal. De ce fait, tous les plans utilisant le même jeu d'images empilées calculeront la dose en fonction de la même liste de points spécifiques. Les commandes pour les points spécifiques se trouvent dans le menu déroulant « *Stacked Image Sets* » de la barre d'outils principale. Sélectionner « *Options* », puis « *Points* ».

Cependant, nous avons besoin de pouvoir spécifier les coordonnées d'un point en coordonnées BEV d'un faisceau spécifique ou en coordonnées IEC du jeu d'images par rapport à l'isocentre. De ce fait, une commande est proposée ici pour ajouter un point dont la position est connue par rapport à l'isocentre. Les coordonnées sont ensuite transformées en coordonnées de jeu d'images empilées. Puis le point est créé puis enregistré. Le point n'est pas déplacé si le faisceau est déplacé ultérieurement. Pour supprimer un point, utiliser les commandes susmentionnées décrites à la rubrique « *Options* » du menu « *Stacked Image Sets* ».



Barre d'outils « *Plan Points* » (Points du plan). Une barre d'outils « *Points* » se trouve dans le menu déroulant « *Evaluate* » (Évaluer). Cette barre d'outils permet de calculer, afficher, imprimer ou enregistrer dans un fichier temporaire les doses des points spécifiques. Il est possible de configurer la fenêtre contextuelle afin de saisir les coordonnées en BEV ou les coordonnées IEC de la table par rapport à l'isocentre. Il existe également un mécanisme pour comparer les valeurs mesurées avec les valeurs calculées à des fins de test.

Print Points (Imprimer les points)

Une pression sur ce bouton permet de calculer et d'imprimer les points. La dose du TPS sera également calculée si le point est compris dans la matrice de dose 3D obtenue du système de planification.

File Points (Points dans fichier)

La sélection de cette option permet d'écrire le libellé du point et la valeur de la dose dans un fichier situé dans le dossier des fichiers temporaires où sont également enregistrés les travaux d'impression. Les doses au niveau des points sont calculées en premier. Exemple:

```
// Test Square 12-Dec-2000-09:19:19(hr:min:sec)
```

```
// Label Dose in cGray
```

```
<* Example Label *> 1.299286
```

```
<* slice 10 row 4 column 7 *> 1.324436
```

Le fichier est écrit dans notre format de fichier ASCII selon laquelle les lignes de commentaires commencent par deux barres obliques et ne sont pas lues. Le libellé du point figure entre les symboles <* et *>. La valeur de dose est simplement un chiffre précédé d'un espace. Ce format sera détaillé plus bas.

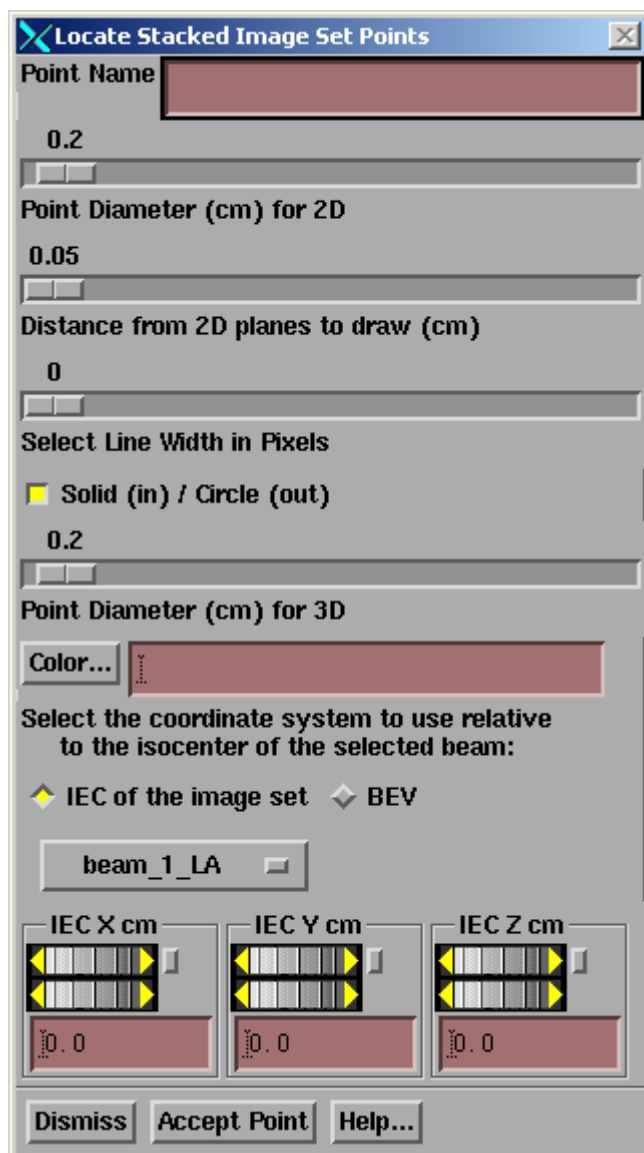
Display Point Doses (Afficher les doses de point)

Ce choix permet d'afficher les valeurs de dose calculées pour chaque point sous son libellé dans tous les cadres où le plan est affiché. La dose du système de planification, si elle est disponible, sera interpolée à partir de la matrice de dose TPS 3D avec la lettre P précédant la valeur affichée. Un bouton figure également dans le menu déroulant « Evaluate » de la barre d'outils « Plan » afin de réaliser la même chose.

Point Dose Off (Désactivation du calcul de la dose des points)

Ceci désactive l'affichage de la valeur de dose des points. Veuillez remarquer que toute modification apportée au plan ou au faisceau désactivera l'affichage des valeurs de dose.

Add Point In IEC (Ajouter point dans IEC)



Commande de localisation de points dans les coordonnées BEV ou IEC de jeu d'images

Cet outil est pratique, car il permet d'ajouter un point à l'image compilée en faisant référence aux coordonnées « BEV » ou du jeu d'images par rapport à l'isocentre. La commande ressemble beaucoup à celle fournie pour le jeu d'images empilées dans « Option » de la barre d'outils « Points ». Cependant, nous avons ajouté l'option de sélection du faisceau afin de définir l'isocentre et deux boutons radio pour sélectionner le système de coordonnées à utiliser.

Les commandes pour les coordonnées x, y et z du point se trouve en dessous de l'option. Ici, le point ne peut pas être défini avec la souris. Ceci est possible avec la commande fournie pour le jeu d'images empilées dans « Option » du menu déroulant « Stacked Image Set » de la barre d'outils principale. La commande fournie ici est proposée lorsqu'un point doit être spécifié en fonction de l'isocentre dans le système de coordonnées d'un faisceau ou d'un système IEC par rapport à l'isocentre et au jeu d'images.

Le système de coordonnées en BEV est décrit ailleurs aussi, là, en l'absence de rotation du collimateur et du bras (faisceau dirigé vers le sol), l'axe « x » traverse le lit de gauche à droite en regardant le bras, l'axe « y »

pointe vers le bras parallèle à l'axe de rotation du bras et l'axe « z » pointe vers la source de rayons x. Les axes « x » et « y » tournent avec le collimateur dans le BEV et le système tourne avec le bras. L'origine est à l'isocentre.

Le système IEC en imagerie est lié au patient. L'axe Y+ dans le jeu d'image est toujours vers la tête du patient. L'axe Z+ est toujours en haut. L'axe X+ est toujours vers la gauche du patient pour un patient sur le dos, à droite pour un patient sur le ventre. Ici l'origine est à l'isocentre du faisceau sélectionné.

Pour supprimer ou modifier des points, utiliser les autres commandes sous « Options » du menu « Stacked Image Set ».

Comparer à la mesure

Cette option est fournie pour une raison très précise. Nous avons irradié un fantôme Rando et mesuré la dose à des points spécifiques et nous voulions afficher la valeur mesurée avec la valeur calculée. Les valeurs mesurées doivent être écrites dans un fichier avec le même format que les points calculés sont écrits comme décrit ci-dessus. Cette option vous invite à saisir le nom de fichier des points mesurés. Les points mesurés sont associés aux points calculés par leur libellé. Les libellés ne sont pas tous comparés. Avant tout, chaque libellé est converti en minuscules, tous les espaces sont supprimés, puis ils sont comparés. Il faut veiller à ce que les libellés restent uniques lorsque l'utilisateur les crée. Pour une correspondance, la valeur mesurée sera affichée sous la valeur calculée. Un « m » est également ajouté à la valeur de dose mesurée. Lors de l'utilisation du fantôme Rando, nous avons étiqueté les trous selon une méthode spécifique. Il existe 7 rangées et 13 colonnes de trous dans la matrice de trous de 3 cm. Chaque trou est connu par son numéro de coupe, de rangée et de colonne. En étiquetant les trous de manière cohérente, il est possible de faire correspondre les valeurs mesurées avec les valeurs calculées, puis de les afficher. Les points spécifiques sont également calculés dès la sélection de cette option.

Nous avons également écrit un programme, « CompareRandoPoints », qui compare les valeurs mesurées avec les valeurs calculées. Lancer ce programme et dans la ligne de commande, fournir le nom du fichier qui contient les points mesurés, le nom du fichier qui contient les points calculés et le nom du fichier dans lequel le rapport sera écrit. Ce programme part du principe que seuls des chiffres apparaissent dans le champ d'étiquette, soit le numéro de coupe, le numéro de rangée et le numéro de colonne, séparés par des espaces, puis les valeurs sont triées selon ces paramètres.

Cette méthode d'étiquetage peut prêter à confusion dans la fonction d'affichage dans les cadres, car l'étiquette « 11 1 1 » ne saurait être différenciée de « 1 1 11 », par exemple, une fois les espaces supprimés. La numérotation de rangées varie de 1 à 7, celle de colonnes de 1 à 13. Précéder les numéros de coupe et les numéros de colonne à un chiffre d'un zéro, si le risque de confusion est possible, p. ex. 11, 1 01 et 01 1 11.

Menu déroulant « *Evaluate* » (Évaluer)

Les éléments sous le menu déroulant « Evaluate » permettent d'afficher le résultat des calculs. Voir ci-dessous pour les options sous « Hard Copy » (Copie papier).

Commande « *Two Dimensional Isodose* » (Isodose bidimensionnelle)



Commande Isodose 2D

Cette commande offre un outil permettant à l'utilisateur de spécifier la valeur d'isodose à afficher. Pour la fonction de Dosimetry Check, seule la dose peut être affichée en cGy. La valeur de dose désirée doit être saisie dans le champ de texte en haut de la fenêtre contextuelle. L'épaisseur du trait peut être modifiée pour qu'une ligne d'isodose spécifique ressorte. Les zones entourées par l'isodose peuvent être remplies d'une couleur unique indiquant les limites et l'intérieur (doses supérieures) de ce niveau d'isodose. Vous pouvez utiliser la souris pour sélectionner différentes valeurs d'isodose à colorer dans la liste déroulante en dessous du champ du texte de saisie des isodoses. Il est également possible de désactiver le remplissage de couleur ou de la modifier parmi un choix de couleurs primaires. Deux couleurs primaires peuvent également être affichées. De

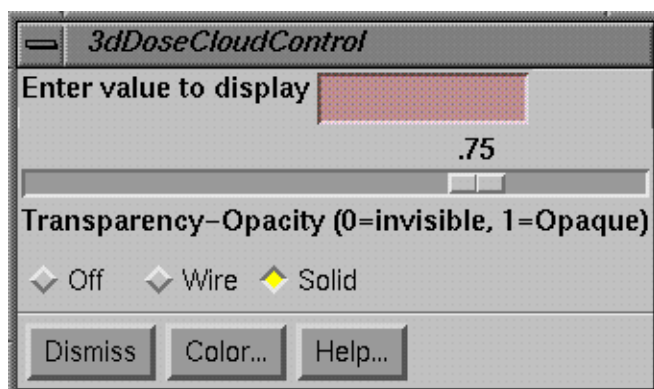
la même manière, toute ligne d'isodose sélectionnée peut être effacée ou sa couleur peut être modifiée. Au départ, les couleurs sont attribuées de manière aléatoire. Veuillez également remarquer que chaque ligne d'isodose dispose d'une coche du côté descendant (dose inférieure) de la ligne isodose, comme sur les cartes topographiques. Les lignes d'isodose sélectionnées s'appliquent à tous les cadres 2d dans lesquels la dose a été sélectionnée pour affichage dans le plan.

Un problème à régler est ce qu'il convient de faire lorsque deux points de dose successifs s'étendent à la limite de la peau avec l'un en dehors du patient et l'autre à l'intérieur. Le tracé de la ligne isodose s'arrête simplement à ce point. Cependant, la zone colorée nécessite obligatoirement un contour fermé.

Avertissement, dose colorée à proximité de la surface de la peau :

Dans ces régions, la couleur suit un chemin entre les points dans le patient et en dehors du patient, ce qui ne représente pas précisément la dose.

Commande « *Three Dimensional Isodose* » (Isodose tridimensionnelle)



Menu contextuel de commandes Isodose 3D.

Une surface d'isodose tridimensionnelle peut être affichée dans des vues de salle en perspective 3D du jeu d'images empilées ou de tout jeu d'image fusionné. Une seule surface peut apparaître à la fois. La valeur désirée est saisie dans le champ de texte fourni. Une commande se trouve sous le champ de texte pour contrôler la transparence de la surface d'isodose.

Des limites sont imposées. Une surface transparente peut uniquement être visualisée dans une seconde surface transparente si la surface transparente à l'intérieur est dessinée en premier. Deux surfaces transparentes A et B qui se croisent posent un problème dans la mesure où la surface A est dessinée en premier et la surface B en second, alors la surface A pourra être visualisée dans la surface B, mais pas le contraire. Ce logiciel dessine la surface d'isodose transparente avant les autres surfaces transparentes. Aucune tentative de tri des surfaces ou des parties de surfaces n'est réalisée. Si ceci pose un problème, deux options sont possibles. La première consiste à rendre toutes les autres surfaces opaques ou de rendre la surface d'isodose opaque. Vous pouvez utiliser un plan de coupe sur les volumes dessinés. La seconde option consiste à afficher la surface d'isodose sous forme de maillage en fil de fer. La commande pour choisir l'affichage en fil de fer, en plein, ou désactivé se trouve sous l'échelle de transparence.

Cette commande affecte simultanément tous les cadres d'affichage en vue de salle en 3D où l'utilisateur a choisi d'afficher la dose. L'utilisateur doit d'abord choisir d'afficher le plan dans le cadre.

Outils de comparaison de dose

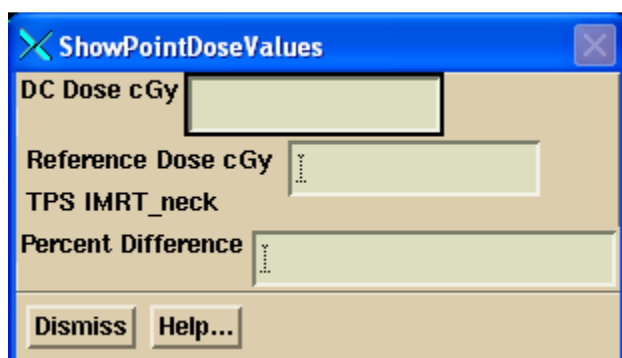
Plusieurs outils sont fournis pour la comparaison et l'affichage de la distribution de dose qui aurait pu être téléchargée du système de planification du traitement. Ces outils permettent de mieux comprendre les éventuelles différences de dose. Les outils se trouvent sous le menu déroulant « *Evaluate* ».

Display Point Doses (Afficher les doses de point)

Voir l'option de la barre d'outils Plan Points ci-dessus.

Show Point Dose Values (Afficher les valeurs de doses de point)

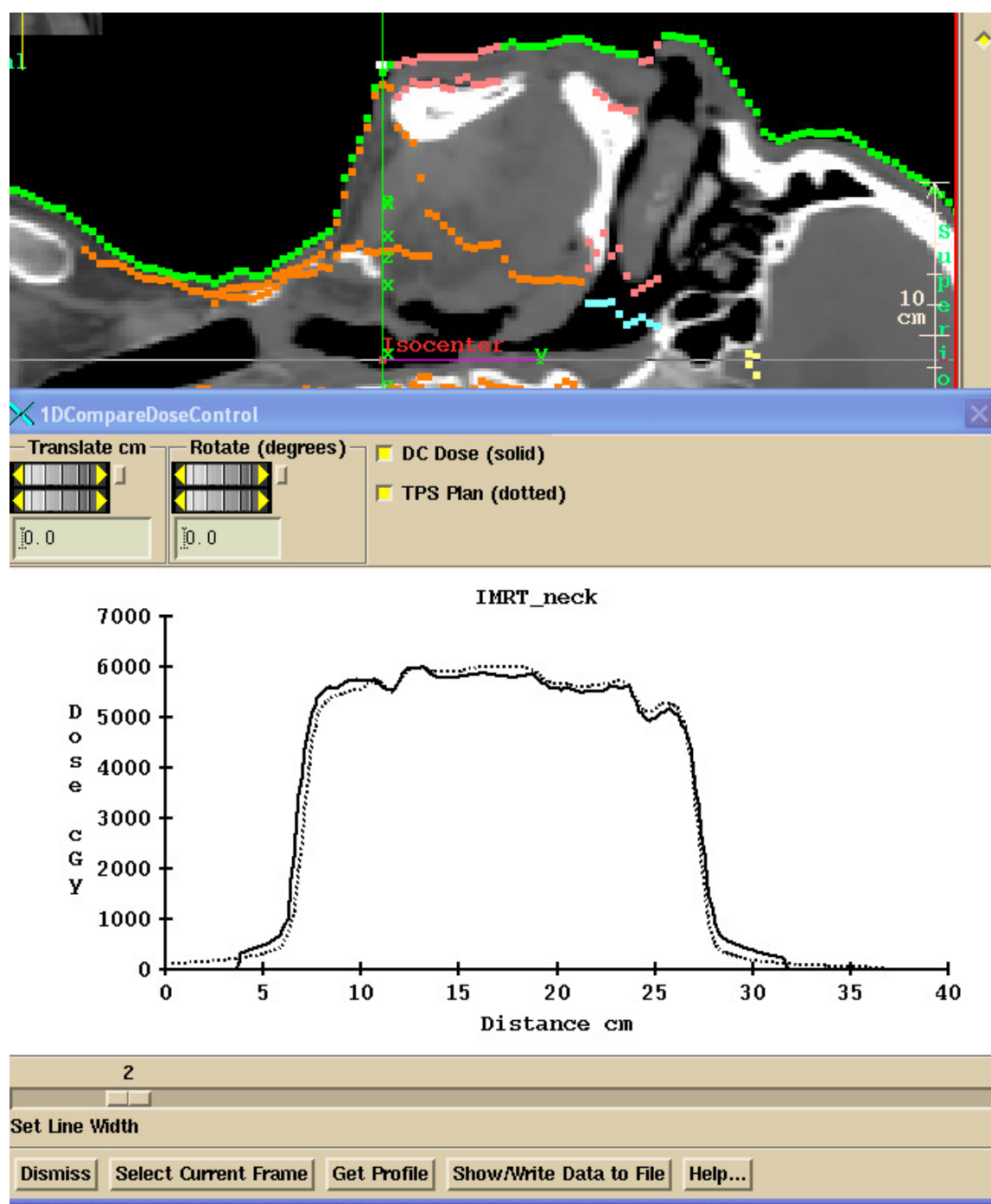
Vous pouvez cliquer à l'aide de la souris sur une image et afficher la dose calculée par le programme Dosimetry Check (DC) et la dose calculée par le système de planification du traitement (TPS) (également appelée dose importée).



Pour afficher la différence en pourcentage, il faut d'abord saisir une dose de normalisation pour l'analyse Gamma dans le « *Gamma Method control* » (ou *Auto-Report*, tous deux décrits ci-dessous). Le pourcentage est calculé par rapport à cette valeur. La différence (relative) en pourcentage entre les deux valeurs n'apparaît pas ici. Si la dose de prescription/normalisation est de 200 cGy et dans certaines zones à faible dose, une dose est calculée à 11 cGy alors que la dose planifiée est de 10 cGy, la différence affichée sera de 0,5 et non 10 pour cent.

Compare 1D Dose Profile (Comparer le profil de dose 1D)

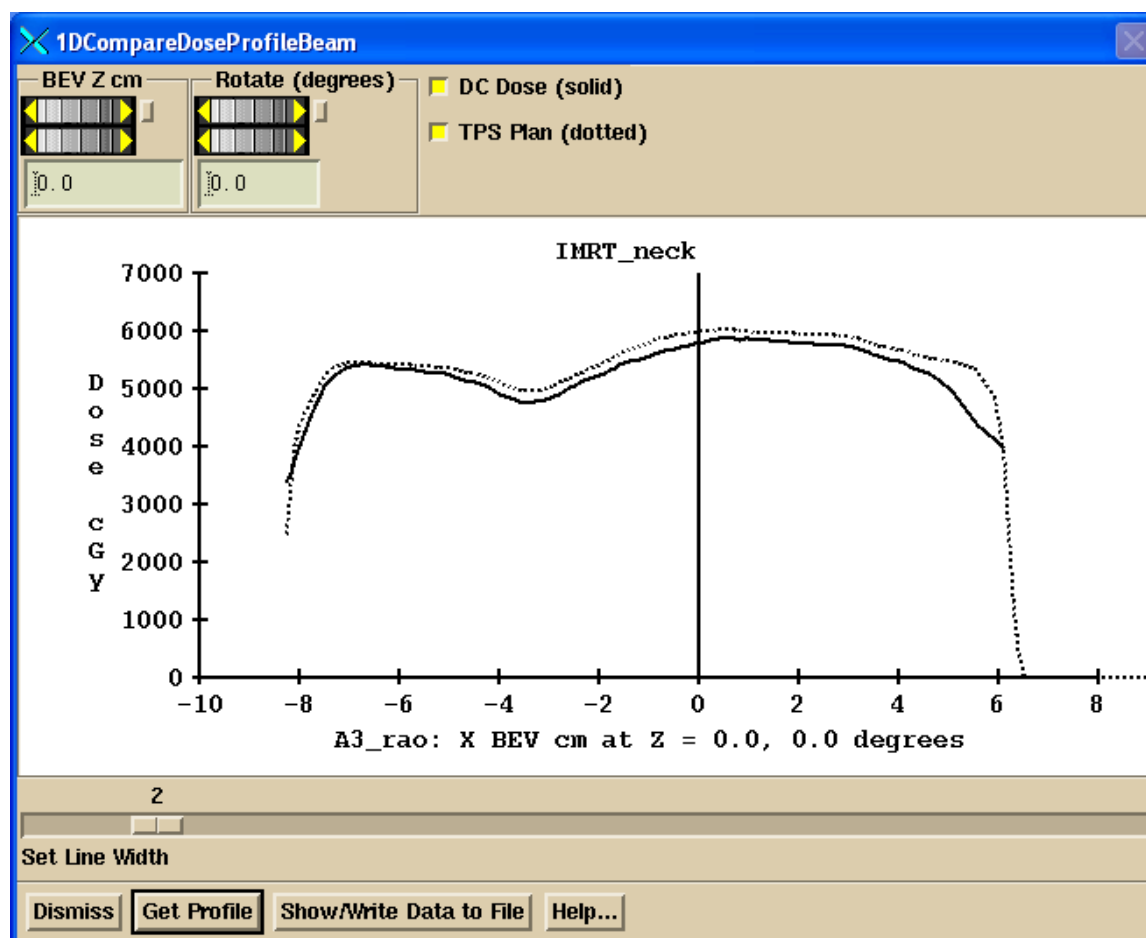
Vous pouvez comparer le profil de dose entre le système de planification et une dose reconstituée pour toute ligne dans le volume du patient. Pour cela, vous devez sélectionner une image reformatée dans le patient, puis positionner une ligne sur ce plan. Un exemple est fourni ci-dessous. Vous devez tout d'abord sélectionner un cadre actif. Le cadre actif doit afficher un plan dans le jeu d'images empilées du plan ou une image fusionnée. Utiliser la commande Reformat image (reformat image) pour sélectionner différents plans dans le patient (sous le menu déroulant *Stacked Image Set* de la barre d'outils principale). Ensuite, utiliser les commandes de translation et de rotation afin de visualiser la ligne. Cliquer sur le bouton « *Get Profile* » (obtenir le profil) pour voir la courbe. Si vous apportez une modification à la dose, vous devez de nouveau cliquer sur le bouton « *Get Profile* » pour mettre à jour les données affichées.



Le bouton *Show/Write Data to File* (Afficher/écrire les données dans un fichier) affichera les données tracées et les écrira dans un fichier ASCII.

Compare 1D Dose Profile Relative to a Beam (Comparer un profil de dose 1D à un faisceau)

Une autre commande similaire vous permettra de spécifier un profil par rapport à un faisceau sélectionné dans les coordonnées du (BEV). Ici, vous sélectionnerez le faisceau d'une liste dans le menu déroulant « *Evaluate* ». Puis vous sélectionnerez la coordonnée Z dans le BEV pour le profil et un angle du profil autour de l'axe Z, depuis l'axe X. L'isocentre est à $Z = 0$ et orienté à l'opposé de l'axe du faisceau.



Rien n'est dessiné sur les images de la fenêtre principale. Dans l'exemple ci-dessus, le profil est affiché le long de l'axe X du BEV pour un faisceau « A3 rao » (A3 OAD) à l'isocentre (puisque BEV Z est zéro et l'angle de rotation est 0). Cependant, la dose apparaît toujours pour tous les faisceaux (dose globale). Si vous voulez comparer la dose pour un seul faisceau, vous devrez télécharger un plan pour un seul faisceau.

Compare 2D Isodose Curves (Comparer les courbes d'isodose 2D)

Vous pouvez choisir d'afficher ensemble les courbes d'isodose du TPS téléchargé avec les courbes de dose calculées ici. Ou afficher l'une ou l'autre, ou encore afficher la différence entre les deux jeux de doses. La différence de dose est la valeur absolue entre la dose calculée par DC et la dose du TPS. La distribution de dose du TPS (ainsi que la différence) sera limitée par la zone couverte dans la matrice de doses lue. Les courbes d'isodose ne seront pas tracées en dehors de cette zone ni en dehors de la surface du patient. Par nécessité, la région d'isodose coloriée est obligatoirement une surface fermée et elle pourrait devoir suivre la surface de la peau. Lorsque la courbe d'isodose correspondante n'est pas tracée, la limite de couleur ne peut être aussi précise. Une approximation est calculée.

2dCompareDoseControl

☐ **DC Dose**

Computed

DC Dose Color

magenta

☐ Tint

Tint Magenta

☐ Solid(out)/Dash(in)

Enter Dose cGy

6000.0

5000.0

3000.0

Delete

Delete All

☐ **Reference Dose**

TPS IMRT_neck

Ref. Dose Color

green

☐ Tint

Tint Green

☐ Solid(out)/Dash(in)

☐ **Dose Difference**

Color Minus Plus

cyan-red

☐ Tint

Plus Tint Red

Minus Tint Cyan

☐ Solid(out)/Dash(in)

Enter Dose Difference cGy

Delete

Delete All

Set Line Width

0.0

Set Dash Width

5.0

☐ Hot Spot On(in)/Off(out)

Dismiss Display in Current Frame Display in Current Screen Help...

Commande 2D compare dose (Comparaison de dose 2D)

Cliquer sur le bouton « *Display in Current Frame* » (Afficher dans le cadre actif) pour afficher la dose dans un cadre actif qui contient une image du jeu d'images empilées ou une image fusionnée. Cliquer sur « *Display in Current Screen* » (Afficher dans l'écran actif) pour afficher dans tous les cadres de l'écran actif. Cependant, ceci n'activera pas de cadre spécifique. Si aucun calcul 3D n'a été réalisé, la dose sera calculée pour tous les cadres

dans lesquels la dose peut être affichée à l'écran et ceci pourrait prendre du temps. Vous pouvez envisager de reformater un jeu d'images empilées dans la barre d'outils principale afin de choisir un plus petit jeu d'images autre que le jeu d'images empilées complet.

Dans la rangée supérieure, vous pouvez sélectionner la dose que vous voulez voir :

Dose DC : Dose calculée ici (par DC).

Plan TPS : Dose importée d'un autre système de planification.

Différence : la différence entre les deux.

Vous pouvez choisir d'afficher n'importe quelle combinaison des éléments ci-dessus.

En dessous, vous pouvez sélectionner la couleur d'affichage des courbes d'isodose et la couleur de remplissage. UN SEUL des trois jeux peut avoir une zone de remplissage et une seule valeur sélectionnée sera affichée en zone remplie. La dose dans la zone colorée est égale ou supérieure à l'isodose sélectionnée. Voir également la note ci-dessus relative à la zone colorée le long de la limite de la peau. Sélectionner une valeur de dose à l'aide de la souris afin de déterminer l'isodose à afficher en zone à colorer. Pour la différence de dose, les doses plus petites que la dose de plan (moins) sont affichées dans une couleur différente des doses plus grandes que la dose de plan (plus).

Chaque jeu de courbes d'isodose apparaît dans la même couleur, afin de permettre de distinguer facilement quelle courbe appartient à quel jeu. Les MÊMES valeurs sont affichées pour les doses calculées par DC et les doses TPS. Vous pouvez spécifier une valeur distincte pour la différence de dose. Vous pouvez sélectionner une ligne à tirets pour dessiner l'un des trois jeux de lignes d'isodose (résultat de Dosimetry Check, système de planification ou différence de dose) à l'aide du bouton d'activation correspondant. L'épaisseur du trait définit l'épaisseur pour les trois jeux de lignes d'isodose. La longueur du tiret définit la longueur pour tout tiret sélectionné.

Appuyer sur le bouton « *Delete* » (supprimer) pour supprimer toute valeur d'isodose actuellement sélectionnée. Appuyer sur le bouton « *Delete All* » (supprimer tout) pour supprimer toutes les valeurs de la liste respective.

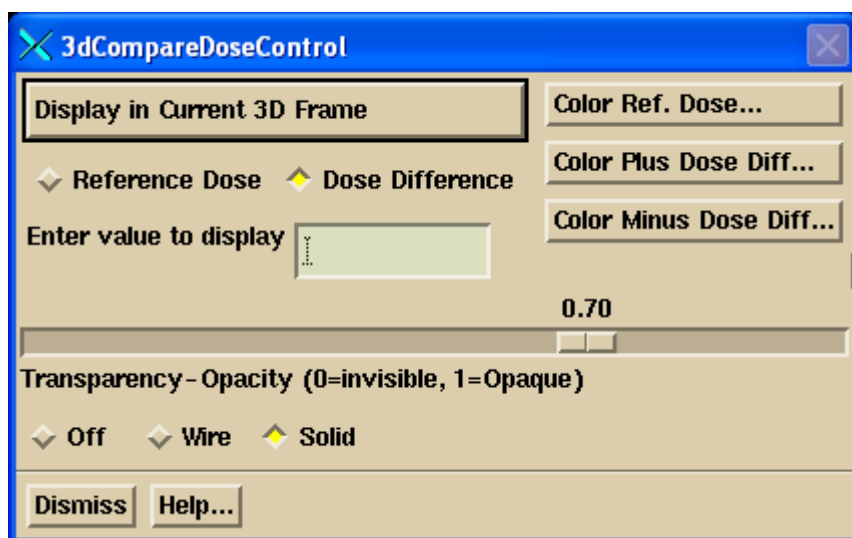
Veuillez remarquer que le point chaud pour chaque jeu de données sera affiché dans la même couleur que les lignes d'isodose. Le point chaud est affiché avec un « * » et il peut être activé ou désactivé.

Cette commande disparaît de l'écran si un cadre différent du cadre actif est sélectionné. Cliquer sur le bouton « *Display in Current Frame* » (Afficher dans le cadre actif) pour sélectionner à nouveau le cadre ou en sélectionner un différent.

Toute modification de couleur apportée sera enregistrée et utilisée par défaut pour les nouveaux dossiers.

Compare Dose in 3D Room View (Comparaison de dose dans une vue de salle en 3D)

Afin d'activer cette commande avec un cadre actif, vous devez d'abord réaliser une vue de la salle en 3D avec le jeu principal d'images empilées du plan actif ou un jeu d'images fusionnées au jeu principal d'images. Cliquer sur le bouton « *Screen Control* » (gestion d'écran) pour créer un nouvel écran, si nécessaire et sélectionner un cadre vide en cliquant à l'aide de la souris sur le bouton couvrant un cadre vide. Ensuite, aller dans « *Stacked Image Sets* » dans le menu principal pour « *Display Room View* » (Afficher la vue de la salle).



Commande Compare 3d Dose (Comparer dose 3D)

Sélectionner « *TPS* » ou « *Dose Difference* » (Différence de dose), puis appuyer sur le bouton « *Display in Current 3D Frame* » (Afficher dans le cadre 3D actif). Cette commande désactivera le cadre actif si vous sélectionnez à nouveau les boutons « *TPS* » ou « *Dose Difference* », ou si le cadre n'est plus actif ou visible. Pour réactiver, appuyer de nouveau sur le bouton « *Display TPS Dose in Current Frame* ». Vous pouvez également sélectionner un cadre différent à tout moment, avec plusieurs cadres affichant des vues et des valeurs de dose identiques ou différentes.

Le fait de sélectionner « *TPS Dose* » affiche simplement la dose de l'autre système. « *Dose Difference* » (Différence de dose) affichera la valeur absolue de la différence de dose entre l'autre système et la valeur calculée ici. Les différences positives sont affichées dans une couleur différente des différences négatives. La valeur par défaut pour les différences positives est rouge et cyan pour les négatives.

Saisir la valeur de dose ou la différence de dose à afficher dans le champ de texte fourni, puis appuyer sur la touche entrée à la fin de la chaîne de chiffres. Vous pouvez également modifier la transparence du nuage d'isodose et sélectionner le maillage en fil de fer au lieu d'un affichage en solide plein ou désactiver l'affichage du nuage.

Pour finir, vous pouvez modifier la couleur du nuage pour la dose TPS, la différence positive ou la différence négative.

Méthode gamma

La méthode gamma est une méthode de comparaison de deux distributions de dose. Les publications suivantes sont définitives :

« *A technique for the quantitative evaluation of dose distributions* » by Daniel Low, William Harms, Sasa Multic, and James Purdy, Medical Physics 25(5) May 1998, pp. 656-661. Nous vous renvoyons spécifiquement aux équations (4)-(8) de la page 658. Une autre référence est Harms et.al, « *A software tool for the quantitative evaluation of 3D dose calculation algorithms* », Medical Physics 25(10) Oct 1998, pp. 1830-1836 et Low et. al, « *Evaluation of the gamma dose distribution comparison method* », Medical Physics 30(9) Sept. 2003, pp. 2455-2464.

Deux lignes d'isodose peuvent être séparées par une grande distance, mais la différence de dose peut être réduite dans une zone à faible gradient. Pareillement, il peut y avoir une importante différence de dose à un point spécifique, mais dans une zone à gradient élevé, la distance d'un point avec la même dose peut être réduite.

La méthode gamma permet de comparer deux distributions de dose en tenant compte de la différence de dose et de la distance.

Ici, nous calculons la distribution gamma en comparant la distribution de dose du système de planification (la distribution de référence) à la dose calculée ici (la distribution d'évaluation). Étant donné un point r_r , le volume autour de ce point est recherché afin de déterminer la valeur gamma minimum Γ , où gamma est calculé selon l'équation :

$$\Gamma(r_e, r_r) = \sqrt{\frac{|r_e - r_r|^2}{d_m^2} + \frac{(D_e(r_e) - D_r(r_r))^2}{D_M^2}}$$

et où r_r est à l'emplacement du point de référence, $D_r(r_r)$ est la dose au point de référence, d_m est le critère de distance (0,3 cm par exemple), D_m est le critère de dose (par exemple $3\% \times 200 \text{ cGy}/100 = 6 \text{ cGy}$). Généralement, D_M est la dose cible à l'isocentre. L'utilisateur doit spécifier la valeur à utiliser.

La recherche porte sur tous les r_e dans le reste du volume. Ceci signifie que pour chaque point de référence r_r pour lequel une dose D_r est connue, une recherche est faite pour tous les emplacements requérant le calcul de la dose D_e à chaque emplacement r_e . Puis, pour finir, nous prenons le minimum de toutes les valeurs gamma ci-dessus pour la valeur gamma à r_r :

$$\Gamma(r_r) = \min \{ \Gamma(r_e, r_r) \} \forall \{ r_e \}$$

La mise en place de ce calcul exige des considérations pratiques. La valeur gamma est calculée pour une grille régulièrement espacée. L'espacement de la grille est identique à celui défini pour les matrices de doses. Les valeurs sont interpolées avec cette grille afin de tracer les distributions gamma sur les images planaires. La dose D_r du système de planification est interpolée à partir de la matrice de dose téléchargée pour chacun des points de la grille de gamma. La dose $D_e(r_e)$ est interpolée d'une grille tridimensionnelle de doses calculées ici.

Pour un voxel de la grille de dose avec huit nœuds, la recherche dans le voxel se fait à l'aide de la méthode géométrique utilisée dans la publication :

"Geometry interpolation of the gamma dose distribution comparison technique:

Interpolation-free calculation", Med Phys 35(3), March 2008, pp. 879-887,

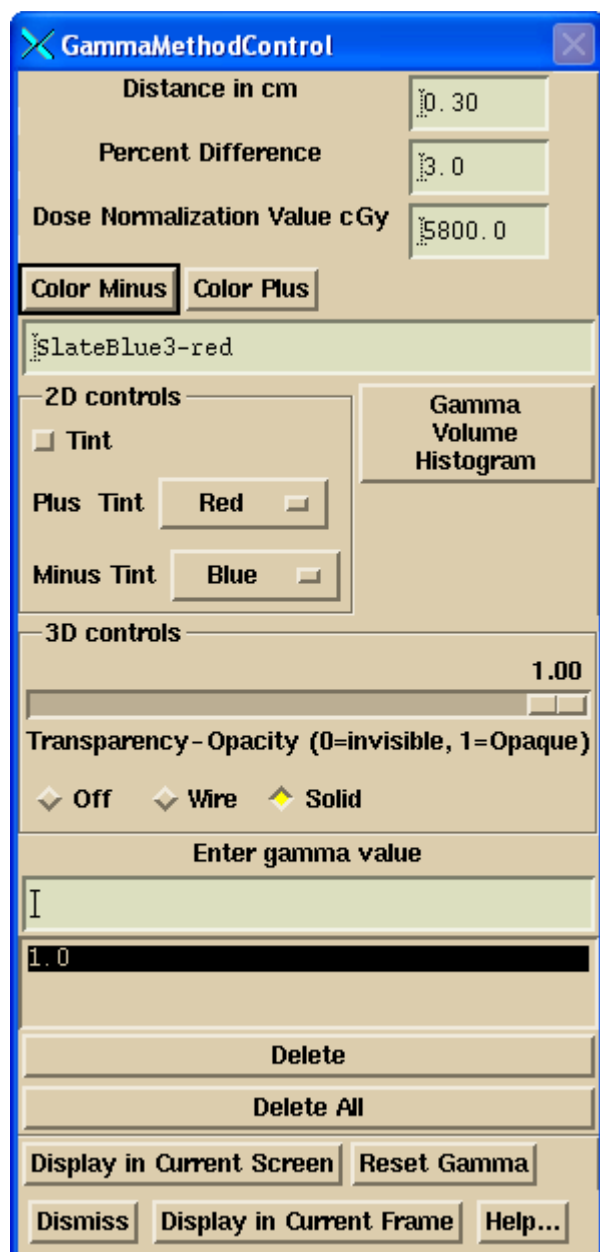
par Tao Ju, Tim Simpson, Joseph Deasy, et Daniel Low.

Cette méthode double la vitesse par rapport à la recherche par interpolation en étapes de 1 mm. Pour les voxels à proximité du bord du patient, où il ne peut pas y avoir de valeur pour tous les huit nœuds, mais au moins quatre avec une valeur, la recherche se fait par étapes de 1 mm avec le voxel.

Nous remarquons qu'à une distance donnée r du point r_r , la plus petite valeur de gamma possible est obtenue lorsque $D_e = D_r$, ce qui résulte en une valeur gamma de r/d_m . De ce fait à 1 cm et au delà, la valeur gamma ne peut pas être inférieure à $1/0,3 = 3,33$. Ainsi 3,33 est une limite inférieure dans la valeur de gamma avec un rayon de 1 cm et plus. Donc, si pour un rayon de recherche r , le gamma minimum dans ce volume (dans ce rayon) est $< r/d_m$, alors il est inutile de rechercher le volume dans un rayon plus important, car la valeur gamma ne peut pas être inférieure. Pareillement, en arrêtant la recherche à un rayon r , les valeurs de gamma minimum supérieures à r/d_m ont une limite inférieure de r/d_m .

En outre, nous attribuerons un signe à la valeur gamma d'un point si la dose calculée ici est supérieure (+) ou inférieure (-) à la dose de plan. Le gamma résultant est ensuite affiché dans différentes couleurs si la valeur est négative ou positive.

La méthode gamma est sélectionnée dans le menu déroulant « Evaluation » de la barre d'outils « Plans ». L'outil contextuel de commandes apparaît ci-dessous :



Outil de commandes de la méthode Gamma.

Cet outil permet d'afficher les courbes iso-gamma sur des images 2D images ou une iso-surface en vue 3D. L'image doit contenir une image du jeu d'images empilées ou une image fusionnée. Vous devez saisir la dose de référence en cGy. Cette dose de référence est également utilisée ailleurs dans le programme afin de calculer le pourcentage de différence de dose pour des points spécifiquement sélectionnés. Cliquer sur le bouton « Display in Current Frame » pour afficher la distribution gamma dans le cadre actif. La valeur actuellement sélectionnée est colorée (2D) ou affichée (3D). Le point chaud apparaît sur les affichages 2D et 3D. Ou cliquer sur le bouton « Display in Current Screen » pour afficher les valeurs sélectionnées dans tous les cadres d'un écran.

Le bouton « Reset Gamma » (Réinitialiser gamma) permet de forcer le recalcul complet du gamma.

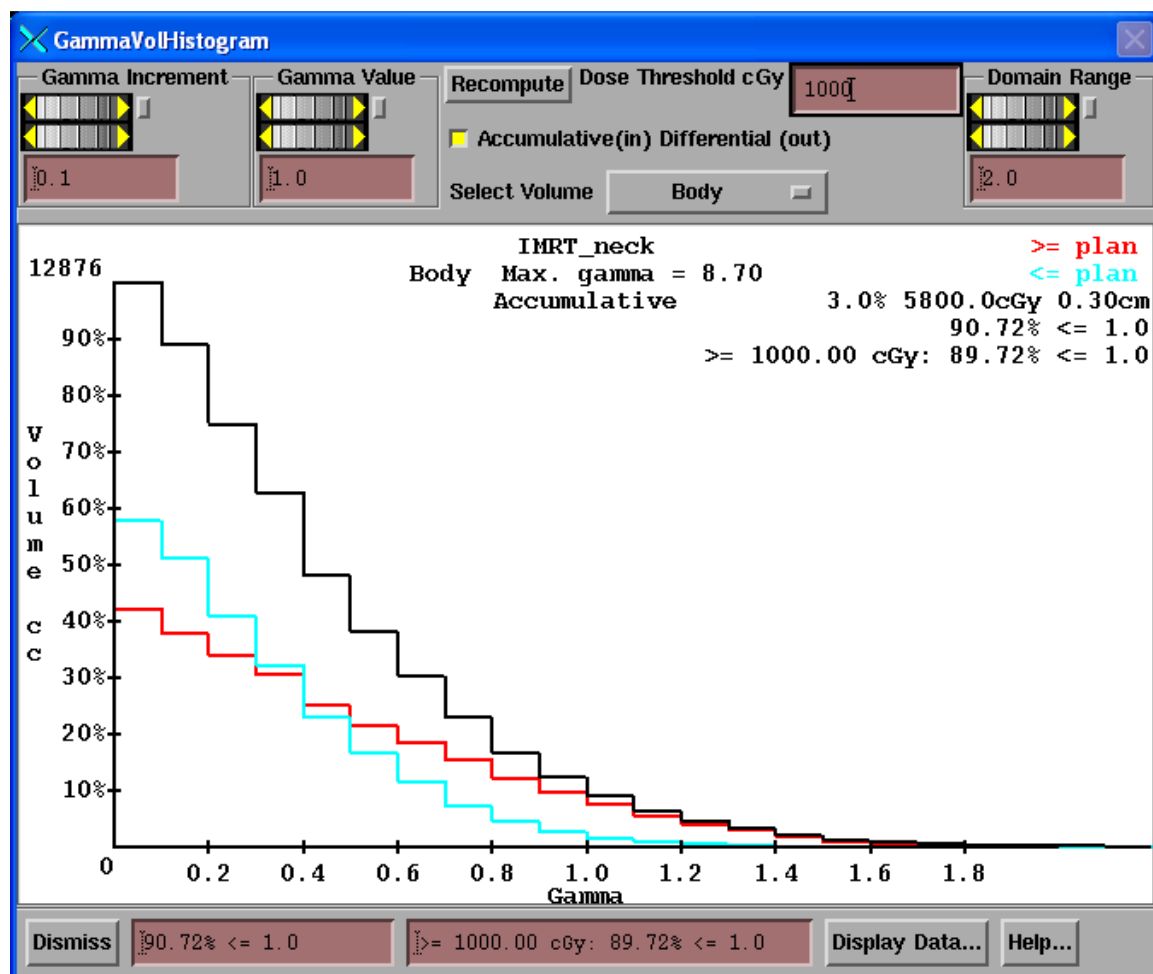
Un exemple d'affichage 2D est proposé ci-dessous :



Veuillez remarquer que vous pouvez sélectionner les couleurs pour afficher les valeurs gamma positives et négatives. Les couleurs sélectionnées seront appliquées par défaut lors des futurs lancements du programme.

Histogramme gamma volume

Un histogramme de volume de la fonction gamma peut être calculé.



Histogramme de volume gamma.

Une distribution cumulée ou différentielle peut être affichée en fonction du choix du bouton d'activation. La distribution peut être affichée pour toute région d'intérêt délimitée sélectionnée. Un exemple est fourni pour le volume complet d'un modèle de patient. Des cases sont créées sur la plage de valeurs gamma à des intervalles réguliers, ici 0,1 et les points du treillis de distribution gamma sont triés dans les cases appropriées. La valeur en noir montre la distribution gamma totale, la rouge les zones où se trouvant la dose calculée $\geq$ dose de plan, cyan $\leq$ dose de plan.

Pour l'histogramme différentiel, le volume en haut de l'axe vertical sera le volume avec l'incrément le plus important. Pour le cumulé, la valeur du volume est calculée à partir du volume couvert par la matrice de dose et ce n'est pas nécessairement le volume de la région d'intérêt.

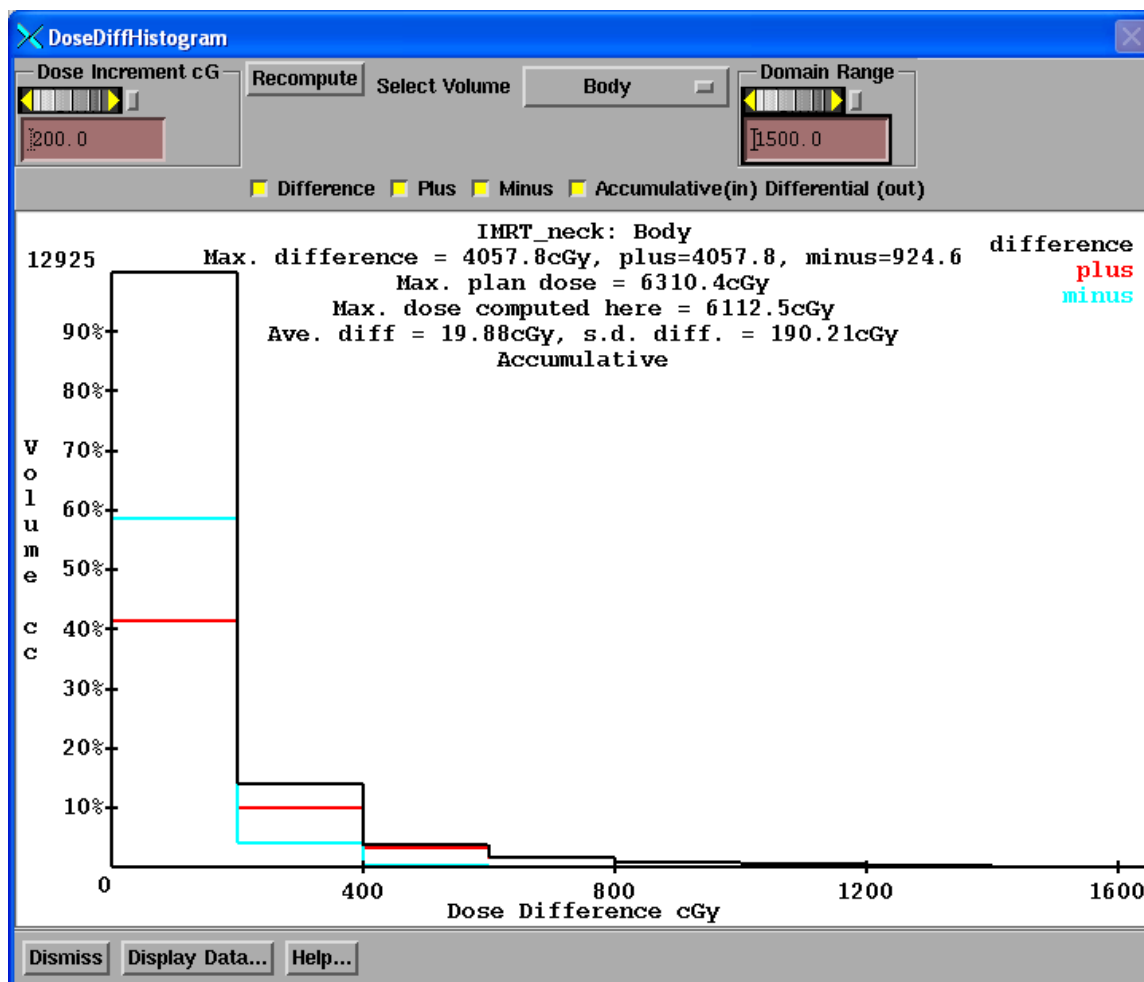
Le pourcentage de points inférieur ou égal à la valeur gamma sélectionnée (valeur absolue) est calculé et affiché. La même chose est affichée pour le sous-ensemble de points supérieur (ou égal) à la dose de seuil spécifiée, dans l'exemple ci-dessus, 1000 cGy est la valeur seuil. Ces valeurs apparaissent dans les champs de texte en bas et sur le graphique.

La commande « Domain Range » (domaine Calculée) peut être utilisée pour raccourcir la plage tracée à l'écran. La commande « Display Data » écrira les données dans un fichier ASCII et affichera le contenu du fichier.

Comme avec tous les cadres, le fait de cliquer avec le bouton gauche de la souris sur la fenêtre du graphique (pour activer la fenêtre afin de lui permettre de recevoir un événement clavier), puis en tapant sur la touche P du clavier permet d'imprimer le graphique.

Difference Dose Volume Histogram (Histogramme différence de dose volume)

Cet outil calcule un histogramme de volume différentiel de différence de dose pour un volume de région d'intérêt sélectionné. La différence absolue est représentée par la courbe noire. La différence positive (la dose calculée supérieure à la dose téléchargée) est affichée sous forme de courbe rouge alors que la différence négative apparaissant en cyan. Vous pouvez activer ou désactiver chacune de ces trois courbes séparément.



Histogramme de différence de volume de dose

La commande « Dose Increment » (incrément de dose) contrôle la largeur de regroupement en dose de chaque élément de volume comptabilisé. La dose apparaît le long de l'axe horizontal et le volume le long de l'axe vertical. Il convient de remarquer que le volume est en centimètres cubes et la dose en centigray.

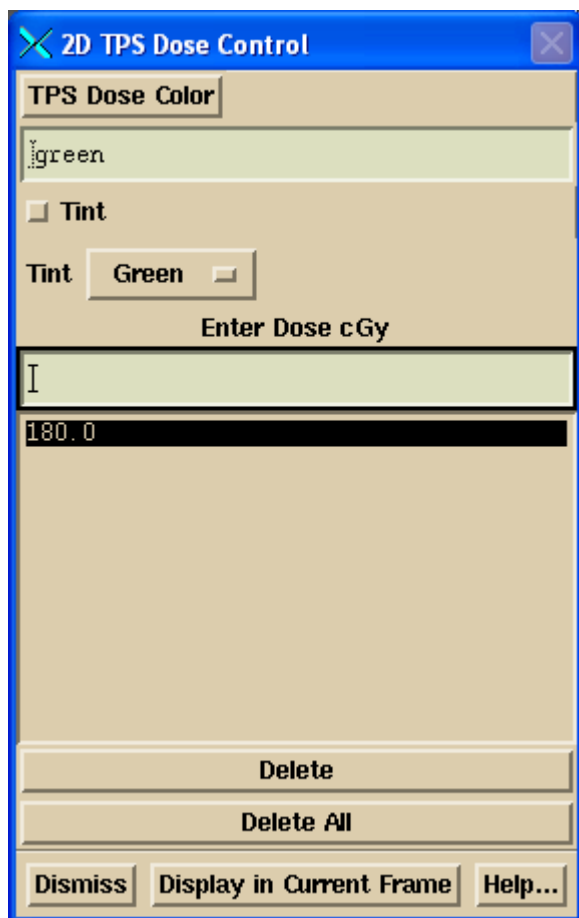
La différence maximale est signalée, puis répartie en plus grande différence positive et en plus grande différence négative. La dose maximale du plan téléchargée apparaît en dessous et plus bas apparaît la dose la plus importante calculée pour le volume sélectionné.

Le bouton « *Recompute* » (recalculer) doit être utilisé si le plan est modifié sans fermer cette fenêtre contextuelle. Ceci lancera une réinitialisation et un re-calcul des courbes.

Pour imprimer, cliquer à l'aide de la souris dans l'affichage du tracé, puis appuyer sur la touche « P » du clavier.

Show 2D and 3D TPS Dose (Afficher une dose TPS 2D et 3D)

Il existe une option permettant de simplifier l'affichage de la dose dans le système de planification du traitement (la dose de référence). Sélectionner la commande Show 2D TPS Dose (Afficher une dose TPS 2D) ou 3D (voir ci-dessus la commande Compare 3D) dans le menu déroulant Évaluer. Vous pouvez ensuite saisir la valeur de dose pour la courbe d'isodose à afficher. Ensuite, cliquer sur le bouton « *Display in Current Frame* ». Toutes les courbes d'isodose apparaîtront dans la même couleur. À l'aide d'une souris, vous pouvez sélectionner dans la liste la couleur et la teinte de la valeur d'isodose actuelle. Ceci vous permettra d'afficher la dose dans un jeu d'images empilées.



Commande Afficher une dose TPS 2D

Vérification du nombre d'unité moniteur

Il est possible d'obtenir un rapport sur la vérification du nombre d'unité moniteur. La vérification du nombre d'unité moniteur est réalisée selon la formule suivante :

$$DC\ MU = Plan\ MU \times Plan\ Dose / DC\ computed\ Dose$$

Où la dose de plan (Plan dose) est la dose rapportée par le système de planification en un point, pour un seul faisceau,

« *DC computed Dose* » est la dose que DosimetryCheck calcule pour le même point,

« *Plan MU* » représente le nombre d'unité monitor du système de planification pour le faisceau, et
DC MU représente le nombre d'unité moniteur obtenu à partir du rapport des deux doses en ce point.

Avertissement, l'unité de contrôle Dosimetry Check ne doit pas être utilisée pour traiter un patient :

La DC MU ne doit pas être utilisée pour traiter un patient. Ce rapport est uniquement destiné à des fins de vérification. Toute différence importante doit faire l'objet d'une recherche de cause, puis corrigée.

Point de spécification de dose d'un faisceau

Un point de spécification de dose d'un faisceau est défini par les éléments Dicom RT (300A, 82) et (300A, 84) et comprend l'emplacement du point et la dose. Si les deux sont présents pour chaque faisceau, vous pouvez baser la vérification du nombre d'UM sur ces informations. Comme la contribution de faisceau et le nombre d'UM doivent se trouver dans le fichier, vous n'avez pas à saisir d'informations.

Point spécifique

Vous pouvez également sélectionner un point dans la liste de points spécifiques. La contribution de dose du faisceau sur ce point ne sera pas connue avec l'import du fichier Dicom RT et vous devrez saisir ces valeurs dans la fenêtre contextuelle illustrée ci-dessous en vous reportant sur le TPS. Le nombre d'UM sera connu dans le Dicom RT (300A, 86). Dans le cas contraire, vous devrez saisir la valeur ici.

Si vous ne saisissez pas de nombre d'UM, alors aucune vérification de nombre UM ne sera indiquée pour ce faisceau. Il en va de même si vous ne saisissez pas de dose du système de planification. Ce mécanisme peut être utilisé pour différents points de différents faisceaux. Saisissez la dose et l'UM pour le faisceau dont vous désirez un rapport. Ensuite, recommencez la procédure pour les différents points, puis saisissez les valeurs pour les faisceaux à utiliser avec ce point.

La fenêtre contextuelle « *MUCheckData* » est illustrée ci-dessous pour le cas d'utilisation de points de spécification. Après la saisie des données nécessaires, appuyer sur le bouton « *Print* » (Impression) ou « *Add to Print Queue* » (Ajouter à la file d'attente d'impression) pour générer le rapport.

Beam Name	DC Dose cGy	TPS Dose cGy	Monitor Units
A1_rpo	769.81		36
A2_rpo2	961.60		42
A3_rao	921.50		38
A4_ap	444.11		26
A5_lao	1062.72		52
A6_lpo	1027.03		48
A7_lpo2	617.81		34

Print Now Add to Print Queue Dismiss Help...

Sur l'impression, vous trouverez le rapport du pourcentage de différence pour la différence de dose, ce qui, bien entendu, est mathématiquement équivalent à la différence entre les nombres d'UM. **Le calcul du nombre d'UM n'ajoute aucune information supplémentaire.**

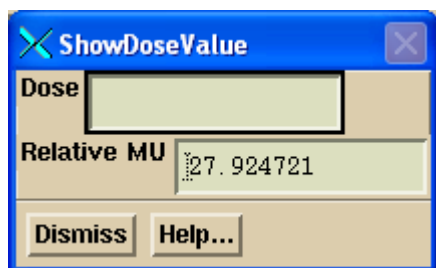
Monitor Unit Check, Isocenter

Beam Name	A1_rpo			A2_rpo2			A3_rao		
	x,	y,	z cm	x,	y,	z cm	x,	y,	z cm
Coordinates	0.3,	-1.6,	-0.0	0.3,	-1.6,	-0.0	0.3,	-1.6,	-0.0
DC Dose cGy	793.9			961.4			938.4		
Plan Dose cGy	800.0			950.0			940.0		
DC Mu	40.3			44.5			44.1		
Plan Mu	40.0			45.0			44.0		
Difference %	-0.76%			1.20%			-0.17%		

Les coordonnées se trouvent dans le référentiel de plan de DosimetryCheck. Toutes les doses affichées dans la version postérieure au 4 février 2013 seront pour 1 seule fraction. La dose calculée par DosimetryCheck sera multipliée par le nombre de fraction\normalisation affiché dans la barre d'outils de plan (voir ci-dessous) et ensuite divisée par le nombre de fraction importé du TPS. La valeur précédente (le nombre de fraction\normalisation) est fixée par défaut au nombre de fraction du TPS.

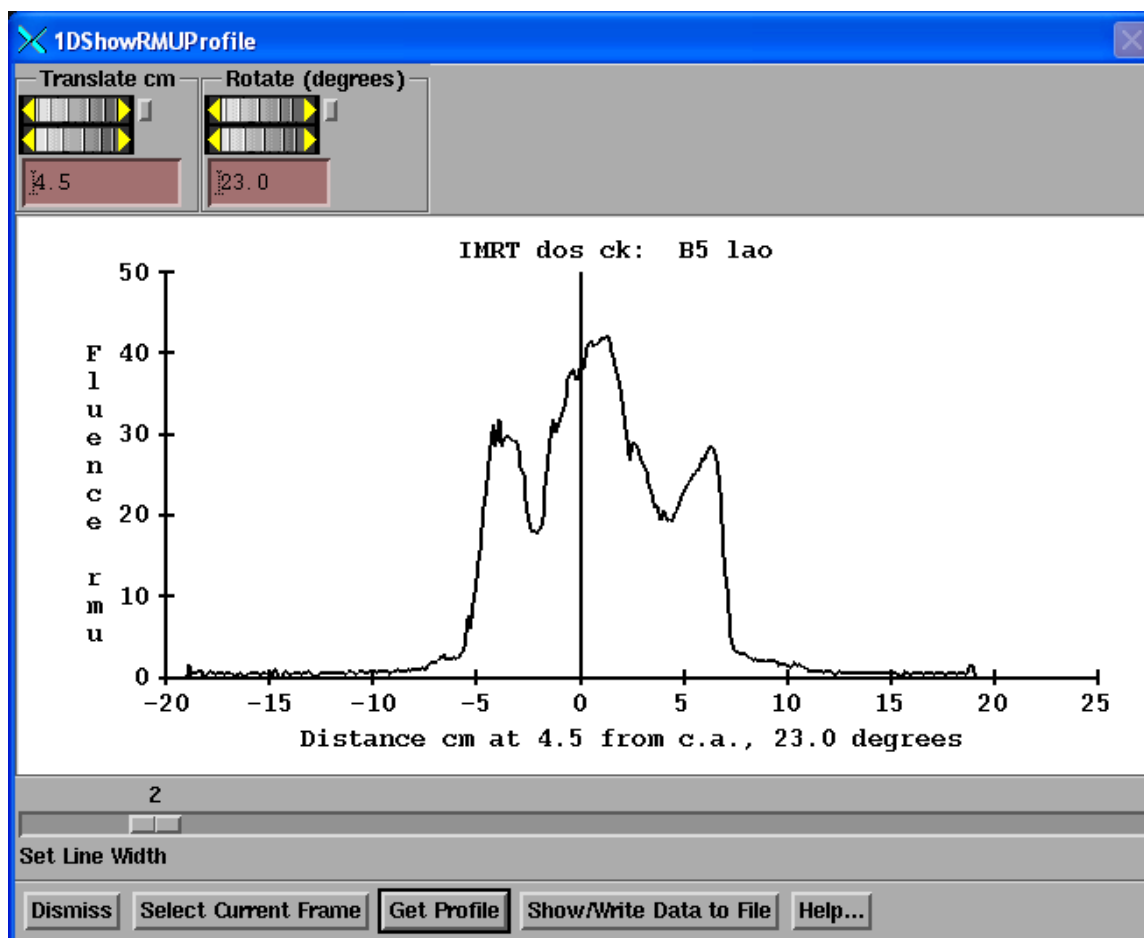
Show RMU Value (Afficher la valeur de RMU) et RMU Profile (Profile de RMU)

Deux outils sont fournis dans le menu déroulant d'évaluation afin d'évaluer les images de fluence des faisceaux de traitement. La valeur de RMU au niveau de n'importe quel point sélectionné à l'aide de la souris est affichée. La commande connexe « *Show Pixel Value* » (Afficher la valeur d'un pixel) est utilisée pour obtenir l'emplacement du clic de la souris.



Pour les champs ouverts carrés, le RMU équivaut au FOC dans l'air (Sc). De ce fait, les champs carrés peuvent être facilement utilisés pour convertir avec précision les images en images de fluence.

Le second outil affiche le profil dans n'importe quelle image de fluence d'un faisceau.

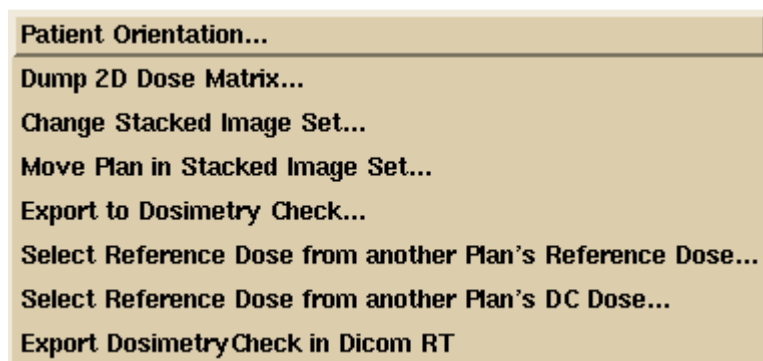


Cet outil fonctionne comme l'outil de comparaison de dose 1D décrit ci-dessus, excepté qu'ici seul le profil dans une image de fluence est affiché. Sélectionner une image de fluence pour en faire un cadre actif, puis cliquer

sur le bouton « *Select Current Frame* ». Utiliser les commandes de translation et de rotation pour sélectionner une ligne dans l'image de fluence. Ensuite, cliquer sur le bouton « *Get Profile* » (Obtenir le profil). Le zéro de l'axe horizontal est à la bissectrice de la projection perpendiculaire de l'axe central du faisceau sur la ligne.

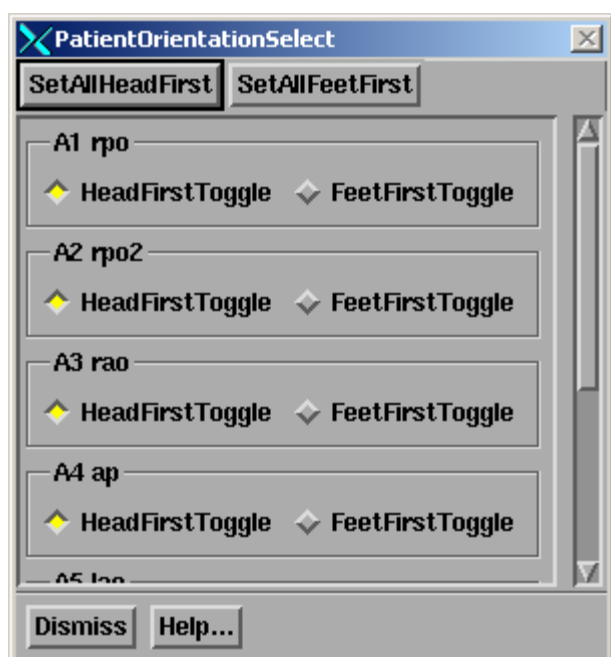
Menu déroulant Options

Différents autres choix sont proposés dans le menu déroulant.



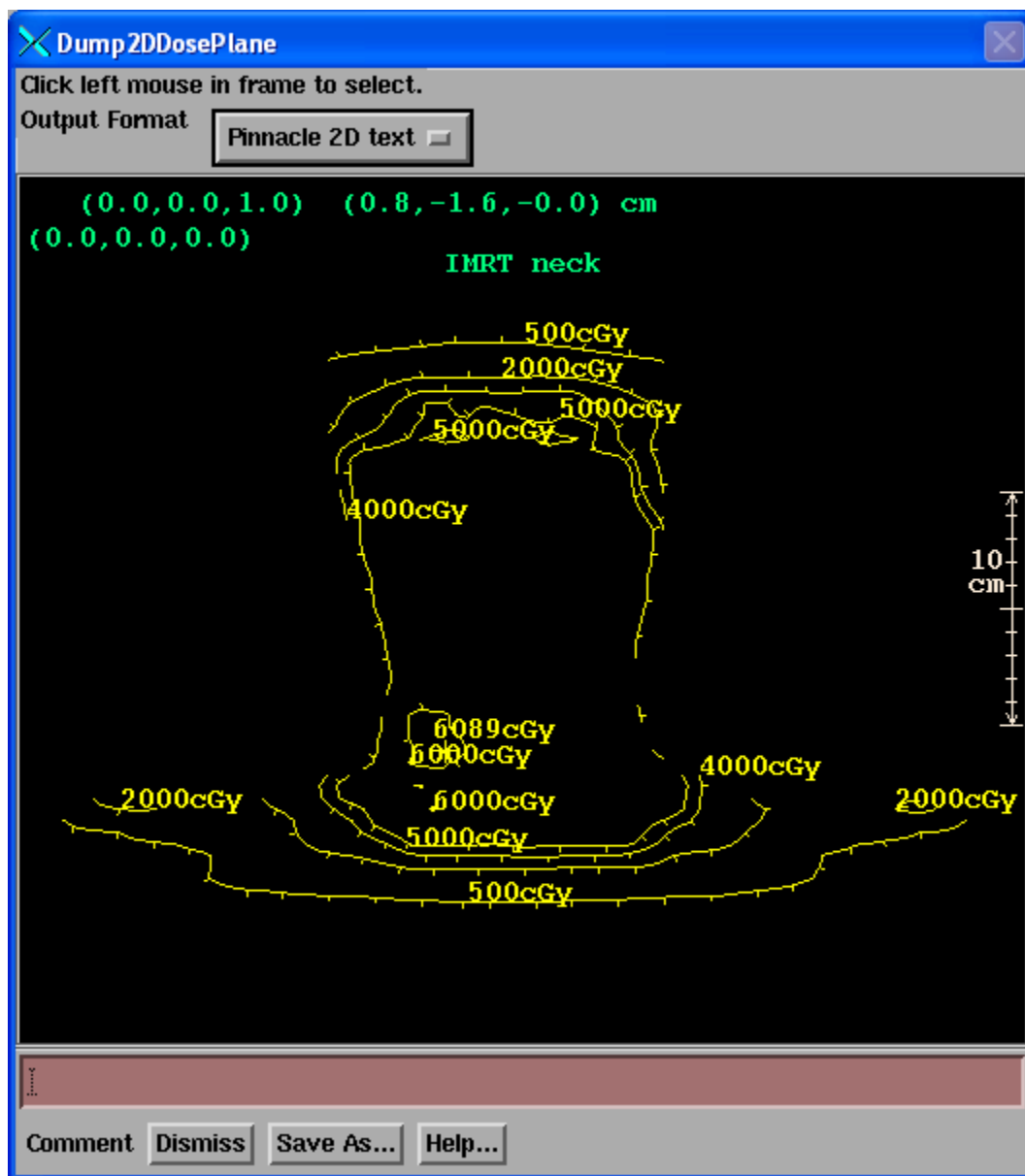
Orientation du patient

Le patient peut être spécifié comme apparaissant la tête ou les pieds en premier sur la table de traitement. Il s'agit d'un attribut de faisceau, mais le choix est là afin de permettre de facilement régler tous les faisceaux sur la même orientation de patient. Ceci n'a rien à voir avec la manière dont le patient est scanné. Ceci spécifie la manière dont le patient est placé sur la table de traitement pour un faisceau spécifique. Le protocole Dicom RT est capable de spécifier un patient avec les pieds en premier, mais nous ne pensons pas que le protocole RTOG ait été mis en place avec succès pour une orientation avec les pieds en premier. Le choix du décubitus dorsal ou ventral n'est pas nécessaire. Le patient doit être scanné dans l'une ou l'autre orientation et il sera affiché en fonction.



Inscription de la matrice de dose 2D dans un fichier

La matrice de dose bidimensionnelle pour tout plan visualisé peut être enregistrée dans un fichier de sortie. Pour le moment, le format de ce fichier utilise le format Pinnacle (marque déposée par Philips, Andover, MA) de manière à ce que tout autre logiciel tiers écrit pour lire ce format puisse également lire les fichiers écrits ici. Sélectionner cette option dans le menu Options.



Cliquer sur l'image à l'aide de la souris où la dose reconstruite apparaît. Ensuite, cliquer sur le bouton «*Save as*» (Enregistrer sous) et naviguer jusqu'au répertoire où vous désirez enregistrer le fichier, puis saisissez également un nom de fichier. Le fichier de sortie est un fichier texte. Pour le moment, un seul format de sortie est proposé.

Change Stacked Image Set (Changer le jeu d'images empilées)

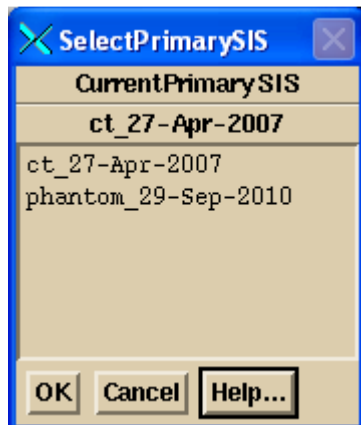
Chaque plan est associé à un jeu principal d'images empilées. Le jeu principal d'images empilées définit la conversion du nombre CT en densité et la région d'intérêt (ROI) du contour externe du corps qui définit ce qui se trouve à l'intérieur et à l'extérieur du patient. Le jeu principal d'images empilées peut être fusionné à d'autres jeux d'images afin que la dose calculée sur le jeu principal d'images empilées apparaisse sur les jeux d'images fusionnées.

Cependant, une option est proposée ici pour modifier le jeu principal d'images empilées. L'objectif peut être, par exemple, de calculer le plan sur un jeu de données de « Cone Beam CT ». Lors du remplacement du jeu principal d'images empilées, il est fort probable que le plan et les structures de données connexes comme les isocentres de faisceau et la matrice de dose du système de planification ne soient pas au bon emplacement. Il faudra peut-être déplacer le plan dans le jeu d'images empilées, comme cela est défini pas à pas ci-dessous.

Nous vous recommandons de copier tout d'abord le plan afin que le plan original reste couplé au jeu original d'images empilées.

Avertissement : ne pas confondre le plan déplacé dans un jeu d'images empilées différent avec le jeu original

d'images empilées pour lequel le plan a été mis au point et la dose du système de planification calculée. Lorsque vous choisissez cette option, le programme vous proposera une liste de jeux d'images empilées dans le dossier du patient. Vous devrez tout d'abord créer et importer le jeu d'images empilées que vous désirez utiliser. Le menu contextuel de sélection affiche le nom du jeu principal d'images empilées actuel ainsi que la liste de choix disponibles :



Move Plan in Stacked Image Set (Déplacer le plan dans le jeu d'images empilées)

Un mécanisme est fourni pour déplacer tous les faisceaux simultanément dans un jeu d'images empilées et pour déplacer également la grille de doses 3D qui était téléchargé du système de planification. Ceci peut être nécessaire lors de la sélection d'un nouveau jeu principal d'images empilées afin de positionner convenablement le faisceau et la grille de dose 3D dans le jeu d'image empilées.

Avertissement : ne pas confondre les faisceaux et les grilles déplacés avec le plan original.

Il est recommandé de copier le plan avant tout.

Une fenêtre contextuelle apparaît pour réaliser le déplacement :

Move Plan in Stacked Image Set

☐ Move Beams

☐ Move Planning System Dose

Enter shift in IEC coordinates in cm
OR
Compute shift from locating a beam isocenter below.

Shift Coordinates:

IEC X cm IEC Y cm IEC Z cm

Select beam, then click on below button,
then click left mouse on the new isocenter.

Select Beam **Select Beam**

Selected beam isocenter coordinates:

IEC X cm IEC Y cm IEC Z cm

Select to click the mouse on the new
isocenter for the selected beam.

New isocenter coordinates:

IEC X cm IEC Y cm IEC Z cm

Shift the Plan **Dismiss** **Help...**

Vous pouvez choisir de déplacer les faisceaux, uniquement la matrice de doses 3D du plan ou les deux, à l'aide des boutons de sélection fournis.

Le décalage, s'il est connu, doit être saisi dans les boîtes de texte « *Shift Coordinate* » (Coordonnées de décalage), en cm, dans le système de coordonnées IEC : pour le patient sur le dos, tête première, X est à votre droite en regardant le bras, Y est vers la tête du patient et l'axe Z est en haut. Les valeurs indiquées dans les boîtes de texte sont les valeurs utilisées pour le décalage. Vous pouvez choisir un faisceau avec le menu « *Select Beam* » (Sélectionner un faisceau). Les coordonnées des faisceaux apparaîtront ensuite en coordonnées IEC :

Select Beam	A3_rao	
Selected beam isocenter coordinates:		
IEC X cm	IEC Y cm	IEC Z cm
0.29	-1.62	-0.02

Vous pouvez cliquer sur le bouton :

Select to click the mouse on the new isocenter for the selected beam.

Votre curseur se transforme en un + (plus). Si ensuite vous cliquez à l'aide du bouton gauche de la souris sur un point de l'image du jeu principal d'images empilées, l'emplacement apparaît dans les boîtes de texte « *New isocenter coordinates* » (nouvelles coordonnées de l'isocentre) et le décalage sera calculé pour déplacer l'isocentre du faisceau sélectionné vers ce nouveau point et il apparaîtra dans les boîtes de texte « *Shift Coordinates* » (Décalage de coordonnées). Un clic sur le bouton « *Shift the Plan* » (Décaler le plan) déplacera réellement tous les éléments.

Export To Dosimetry Check (Exportation dans Dosimetry Check)

Cette option vous permet d'exporter la dose que Dosimetry Check calcule dans un nouveau plan dans Dosimetry Check et la dose calculée par Dosimetry Check dans le plan actif devient la dose de référence importée dans le nouveau plan Dosimetry Check. Cette fonction est fournie pour le cas où une personne désire comparer la dose que Dosimetry Check calcule pour effectuer des modifications, comme utiliser différents fichiers RMU d'entrée, des matrices de dose de différentes tailles, ou d'autres raisons. L'utilisateur doit attribuer un nouveau nom unique au nouveau plan de Dosimetry Check créé.

Avertissement : ne pas confondre la dose de référence dans le nouveau plan avec la dose du système de planification du traitement.

Le libellé pour la dose de référence de Dosimetry Check commencera par les lettres DC, comprendra le nom du plan original et la date de mesure des fichiers de fluence. Une étiquette est apposée sur le rapport de points indiquant que la dose de plan est une ancienne dose Dosimetry Check.

Select Reference Dose From another Plan's Reference Dose (Sélectionner la dose de référence à partir de la dose de référence d'un autre plan)

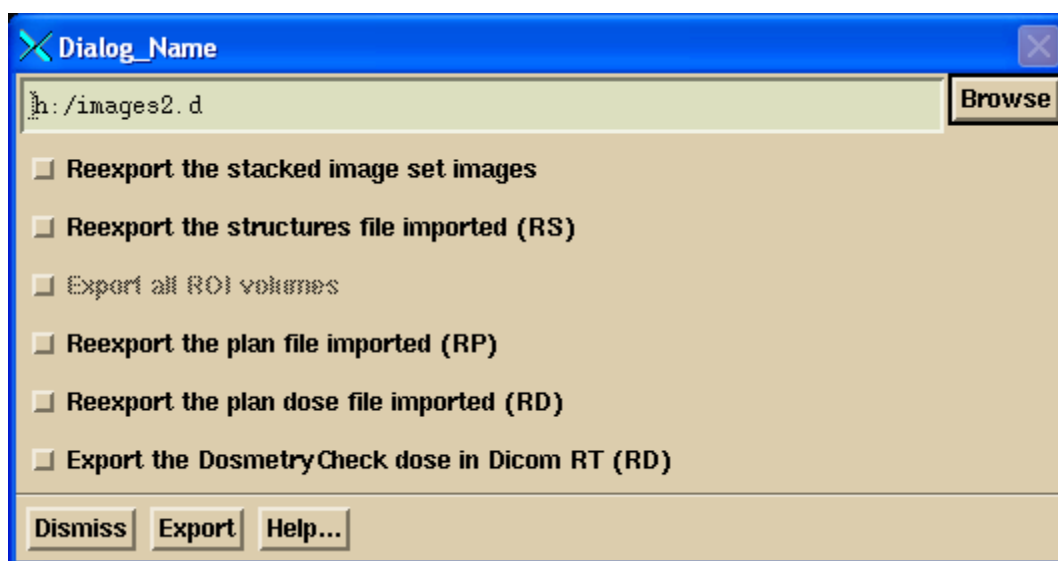
Vous pouvez sélectionner la dose de référence d'un autre plan afin qu'elle devienne la dose de référence du plan actuel. Aucune vérification n'est effectuée pour s'assurer du bien-fondé ou si la dose de référence est destinée au même jeu d'images empilées. Vous contrôlez pleinement ce que vous voulez voir.

Select Reference Dose From another Plan's DC Dose (Sélectionner la dose de référence à partir de la dose DC d'un autre plan)

Cette option sélectionne la dose calculée d'un autre plan comme dose de référence. Cette fonction est équivalente à la fonction Export to Dosimetry Check ci-dessus, à l'exception qu'aucun nouveau plan n'est créé.

Export DosimetryCheck in Dicom RT (Exporter DosimetryCheck dans Dicom RT)

Cette option permet d'exporter la dose calculée par DosimetryCheck dans un fichier Dicom RT. En outre, tous les fichiers Dicom importés peuvent également être sélectionnés pour être réexportés. Dans la fenêtre contextuelle d'exportation illustrée ci-dessous :



Appuyer sur le bouton Parcourir pour naviguer jusqu'à un répertoire où les fichiers seront écrits (vous pouvez créer un nouveau répertoire) ou saisir le chemin (tous les composants doivent figurer). Sélectionner les fichiers à exporter, puis appuyer sur le bouton « *Export* » (Exporter). Les doses seront multipliées par le chiffre actuellement dans la boîte de texte « Number of fractions/normalization » (nombre de fractions/normalisation) de la barre d'outils Plan. Si le chiffre est égal à un, le type de sommation de dose sera FRACTION, sinon ce sera PLAN.

Hardcopy (Copie papier)

Vous pouvez imprimer un rapport à l'aide de la méthode de capture d'écran, puis ajouter un commentaire. Voir Imprimer dans le manuel System2100. Vous pouvez conserver un document actif en sélectionnant « *Add to Print Queue* » (Ajouter à la file d'attente d'impression). Ceci permet de garder le décompte de pages pour votre document.

Auto Report (Rapport automatique)

Il existe également une fonction de rapport automatique. *Auto Report* ajoute des informations dans un rapport existant que vous avez pu démarrer. Sélectionnez « *Auto Report* » du menu déroulant « *Hardcopy* » dans « *Evaluate* ». Cette fonction permet de prédéfinir le rapport et laisse à l'ordinateur le temps de calcul nécessaire lorsque le bouton « *Print* » (Imprimer) en bas de la fenêtre est enfoncé. La moitié supérieure de la zone de commandes déroulée est illustrée ici :

DCAutoReport

Gamma Criteria

Distance in cm: 0.30

Percent Difference: 3.0

Dose Normalization Value cGy: 5800.0

Points Report

Pick Point for Below Centers

Select Point

Compare 1D Profiles

Select Axes: ☒ X ☒ Y ☒ Z

☒ Convert background to white(in)

Compare 2D Dose

Select Planes: ☒ Transverse ☒ Coronal ☒ Sagittal

2

Set Line Width: 30

Set Dose Margin for Zoom

Select % of Norm Dose

☐ 100% ☐ 95% ☐ 90% ☐ 85% ☐ 80%

☐ 75% ☐ 70% ☐ 65% ☐ 60% ☐ 55%

☐ 50% ☐ 45% ☐ 40% ☐ 35% ☐ 30%

☐ 25% ☐ 20% ☐ 15% ☐ 10% ☐ 5%

Gamma Isocurves

Select Planes: ☒ Transverse ☒ Coronal ☒ Sagittal

2

Add to Queue and Print Cancel Help...

Il suffit de sélectionner les caractéristiques à intégrer dans le rapport. Cependant, il faut sélectionner un point (centre de coupes). Les plans de coupe d'image et les lignes de profil tracés contiendront ce point. Généralement, il s'agit de l'isocentre ou d'un point de prescription de dose. Vous devez également saisir les critères de la méthode gamma. Les valeurs saisies ici sont transmises au contrôle de méthode gamma et vice-versa. Assurez-vous d'avoir saisi le nombre de fractions avant d'utiliser cet outil.

Les axes X, Y, Z pour les profils 1D font référence au système de coordonnées IEC où l'axe Y est vers la tête du patient, l'axe Z est orienté postéro-antérieur.

La commande d'échelle « *SetDose Margin for Zoom* » (Marge SetDose pour zoom) fournit un moyen de réinitialiser la quantité de zoom dans les images suivantes. Le programme déterminera le zoom pour les images en se basant sur les profils 1D le long des axes x, y et z (que vous les sélectionniez ou non afin de les intégrer au rapport, ils sont calculés ici). Le point 50% de dose maximum le long de chaque ligne est déterminé et défini

comme limite de la zone à montrer. Une marge sélectionnée à l'aide de la commande est ajoutée à cela. Si la marge vous amène au-delà de la limite de la peau du patient, la peau du patient sera maintenue comme limite. La valeur par défaut est une marge importante qui zoomera les images jusqu'au bord du patient. Si vous définissez une marge de dose de zéro, vous verrez les images zoomées jusqu'à la moitié de la zone de dose. N'oubliez pas que ces limites sont calculées depuis les axes x et z pour la vue transverse, x et y pour la vue en coronale et y et z pour la vue sagittale passant par le point que vous avez sélectionné. Si ceci ne produit pas la zone que vous voulez voir, il suffit de zoomer avec le bouton central et le bouton de droite de la souris sur les images afin de générer ce que vous voulez voir et utiliser la fonction d'impression d'image pour créer votre propre rapport (clic gauche de la souris sur une image, puis la touche P sur le clavier). Utiliser les commandes distinctes dans le menu « *Evaluate* ».

Dans la commande « *Compare 2D Dose* » (Comparer la dose en 2D), le programme va également tracer tous les niveaux d'isodose qui ont été saisis à l'aide de cette commande, en plus de toute valeur sélectionnée ici sous forme de pourcentage de la valeur de normalisation de la dose. La plus grande valeur tracée sera colorée.

La moitié inférieure de la commande Auto Report se trouve ci-dessous :

Pareillement, les isocourbes 2D gamma comprendront toutes les valeurs saisies avec cette commande, mais la valeur 1,0 sera toujours tracée et colorée. Pour l'histogramme Gamma Volume, la commande « *Dose*

Threshold Percent » (Pourcentage seuil de dose) donnera des statistiques pour toutes les doses supérieures à ce pourcentage de la dose de normalisation saisie en haut de la fenêtre contextuelle.

Pour finir, noter le chronomètre pour les histogrammes Dose Volume. Il s'agit du temps de création requis pour créer les points lors du tracé des courbes. A chaque passage successif des mêmes volumes sélectionnés, des points supplémentaires sont ajoutés.

Vos choix seront conservés la prochaine fois que vous exécuterez le programme.

Default ROI Volumes Selected (Volumes ROI par défaut sélectionnés)

En outre, vous pouvez spécifier des noms de volume ROI à sélectionner par défaut la première fois que vous sélectionnez *Auto Report* pour un plan. Dans le répertoire de données (spécifié par le fichier DataDir.loc dans le répertoire de ressources du programme, à son tour spécifié par le fichier rlresources.dir.loc dans le répertoire actif), vous pouvez créer le fichier AutoReportDefaultNames.txt au format suivant :

```
/* file format version */ 1
```

```
GAMMA
```

```
external
```

```
Body
```

```
esophagus
```

```
cord
```

```
DOSE
```

```
external
```

```
Body
```

```
<*brain stem*>
```

```
<*Spinal Canal*>
```

Le fichier se conforme au format ASCII de ce programme (voir le manuel System2100, section Fichier de ressources du programme). Après la version du format, les noms des volumes de ROI sont énumérés. Utiliser les mots clés GAMMA pour spécifier les noms destinés à l'histogramme Gamma Volume et DOSE pour les noms destinés à l'histogramme Dose Volume. Ces deux mots clés peuvent se trouver dans n'importe quel ordre et être répétés, si nécessaire. Les noms sont sensibles à la casse et aux espaces. Si un nom comporte un espace, utiliser <* et *> pour délimiter ce nom comme un seul nom. Seules des correspondances parfaites seront sélectionnées. Vous pouvez effectuer d'autres sélections dans le menu contextuel *Auto Report*. Cette fonction est disponible si les volumes ROI ont des noms cohérents d'un patient à l'autre.

Nombre de Fractions/Normalisation

Utiliser le champ de texte pour saisir tout chiffre positif différent de zéro que vous voulez pour multiplier toutes les doses calculées par Dosimetry Check. Vous pouvez utiliser cette fonction si, par exemple, la matrice de dose 3D du système de planification est pour plusieurs fractions. Dans ce cas, il faudra saisir le nombre de fractions ici. Ou il se peut que vous désiriez modifier la dose calculée. Vous pourriez utiliser ce facteur pour forcer la concordance de quelques points puis considérer la concordance comme la nouvelle distribution relative de dose. La valeur par défaut est 1,0.

Avertissement : Veiller à ne pas utiliser ce champ pour produire un champ qui n'existe pas.

SECTION 5: FAISCEAU

Barre d'outils Beam (Faisceau)



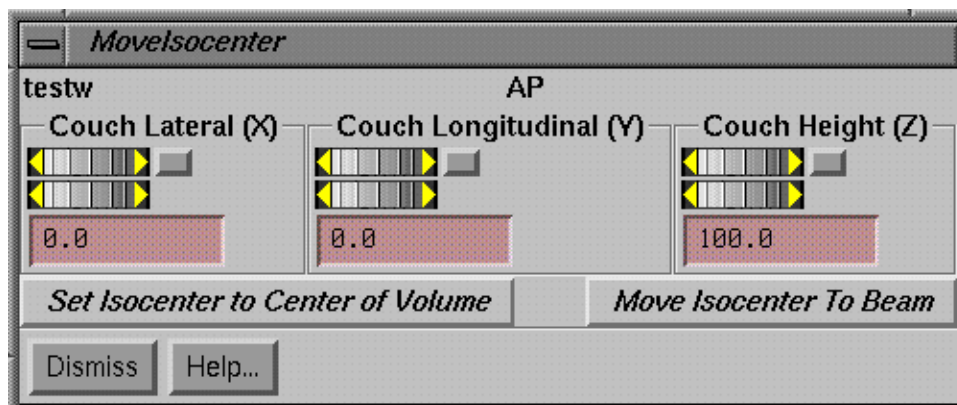
Barre d'outils *Beam* (Faisceau)

Après la création ou la sélection d'un faisceau dans la barre d'outils Plan, la barre d'outil *Beam* apparaît. L'utilisateur doit d'abord choisir la machine de traitement avec l'option de menu fournie. Ensuite, il n'est plus possible de modifier la machine de traitement. Le nom du plan apparaît sur la barre d'outils, à droite du bouton de retour. Un menu d'option apparaît ensuite pour le faisceau. Ce menu d'option permet de sélectionner un autre faisceau parmi tous les faisceaux du plan. Un autre menu d'option apparaît indiquant la machine de traitement, mais les autres choix sont grisés une fois que la machine est sélectionnée. À côté se trouve un bouton d'activation/désactivation. Le faisceau peut être sélectionné comme étant inactif (case relevée). Dans ce cas, le faisceau n'est pas affiché ni calculé. Ensuite, l'énergie est **sélectionnée** à l'aide d'un menu d'option. Veillez à sélectionner l'énergie désirée pour les machines de traitement à énergie double.

Move (Déplacer)

Dans le menu déroulant « *Move* » se trouvent des commandes pour régler la position de l'isocentre, les angles de la table, du bras et du collimateur, la profondeur de l'isocentre ou la distance entre la source et la surface (DSP).

Move Isocenter (Déplacer l'isocentre)



Fenêtre contextuelle de commande *Move Isocenter*

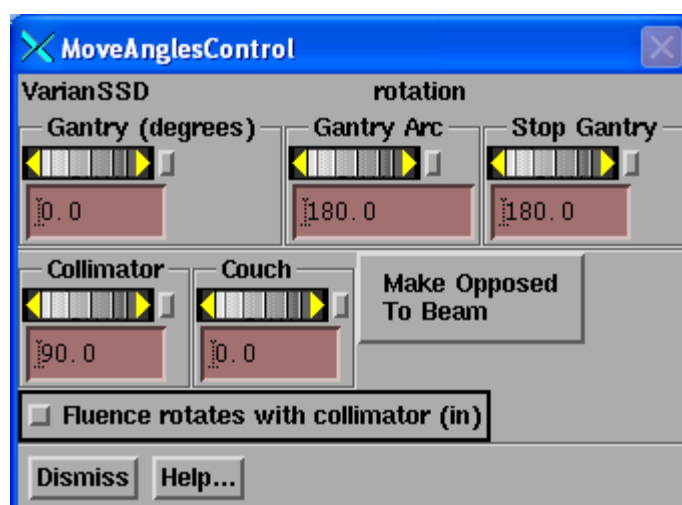
La fenêtre contextuelle de déplacement de l'isocentre fournit les réglages pour le contrôle de l'isocentre en termes de coordonnées liées à la table. « *Couch lateral* » (latéral de la table) correspond à l'axe X de l'accélérateur en coordonnées IEC. « *Couch longitudinal* » (longitudinal de la table) correspond à l'axe Y et « *Couch Height* » (hauteur de la table) à l'axe Z. Chaque commande dispose d'une molette de contrôle grossier qui change les coordonnées par incréments de 1 cm, une molette précise qui change par incréments de 0,1 cm, et d'un champ de texte où les coordonnées peuvent être saisies. La validation se fait à l'aide de la touche « *Enter* » (Entrée). Les molettes disposent d'une zone à chaque

extrémité où elles peuvent être tournées d'un seul incrément d'un clic de souris et d'un bouton de retour à l'origine qui réinitialise les valeurs à zéro ou les valeurs par défaut pour cette coordonnée.

Pendant que les coordonnées sont modifiées, le faisceau sera dessiné dans des fenêtres affichant le plan.

Un menu déroulant est également fourni pour définir l'isocentre à l'emplacement d'un autre faisceau dans le même plan.

Move Angles (Déplacer les angles)



Fenêtre contextuelle de commande *Move Angles*

Il est possible de définir les angles du bras, du collimateur et de la table ici. En outre, il est également possible de définir un arc en réglant le contrôle « *Gantry Arc* » (arc du bras) à une valeur différente de zéro. Cependant, pour l'IMAT, le réglage de l'arc est ignoré, car l'arc sera simulé avec des faisceaux fixes avec des images prises pendant la rotation.

Un menu déroulant est fourni pour rendre le faisceau actuel parallèle et opposé à un faisceau existant (y compris lui-même) dans le même plan.

Rotation du collimateur et fluence mesurée

Un bouton de commutation est fourni afin de déterminer si oui ou non la fluence mesurée doit tourner avec le collimateur. Si l'équipement d'imagerie ne tourne pas avec le collimateur, alors la rotation a déjà été prise en compte dans les images intégrées capturées de la fluence et ce bouton doit être désactivé. L'image sera projetée sur le patient, sans autre rotation. Ceci revient à régler le collimateur en position zéro et à indiquer que l'équipement d'imagerie a tourné avec le collimateur. À la valeur de collimateur de zéro degrés, aucune rotation n'est appliquée à l'image. (Les coordonnées IEC doivent être de zéro, ce qui est l'angle défini dans le fichier « *Geometry* » dans le répertoire de données de faisceau pour la machine, comme angle de collimateur nominal. Ce peut être 180 au lieu de 0.)

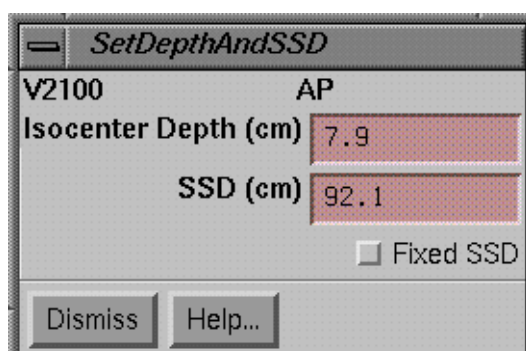
Par exemple, si l'angle du collimateur est de 45 degrés pour le traitement, alors, comme l'EPID ne tourne pas avec le collimateur, la rotation de 45 degrés est déjà prise en compte dans l'image de l'EPID. En effet, vous pouvez voir la rotation dans l'image de l'EPID. Lorsque l'image de l'EPID est projetée sur le patient, le champ sera dans la bonne position avec rotation. Ceci diffère de la situation selon laquelle le dispositif d'imagerie tourne avec le collimateur. Dans ce cas, l'image devra être tournée avec le collimateur dans le programme afin que le champ soit correctement projeté sur le patient, car il apparaîtra sans rotation dans l'image.

Rotation du collimateur de manière à contenir le champ dans l'EPID

Dans cette situation, tourner le collimateur dans la direction permettant au champ d'être contenu intégralement dans l'EPID. Ceci peut uniquement se faire pour une évaluation en mode pré-traitement lorsqu'il n'y a pas de patient dans le faisceau et non en mode de dosimétrie transite. Noter la valeur de la rotation et la direction. L'angle du collimateur a-t-il augmenté ou réduit ? Disons, par exemple, que vous avez dû tourner le collimateur par rapport à l'angle prévu de +30 degrés à +90 degrés. La rotation représente +60 degrés de plus. Alors dans Dosimetry Check, depuis la barre d'outils « *Plan* », sélectionnez le menu déroulant « *Beams* » pour modifier le faisceau. Dans « *Move* », sélectionnez « *Angles* ». Activez « *Fluence Rotates with Collimator* » (Rotation de la fluence avec le collimateur). Dans cet exemple, si le collimateur est resté sur 30 degrés pendant l'essai à vide, vous devez passer l'angle à 0. Comme nous l'avons indiqué ci-dessus, un angle de zéro est équivalent à un réglage selon lequel l'EPID a tourné avec le collimateur (car le champ sera projeté avec la rotation de 30 degrés dans l'image). Ensuite, pour tenir compte de la rotation supplémentaire du collimateur pendant l'essai à vide, tournez le collimateur dans la direction opposée à 60 degrés à partir du zéro jusqu'à un angle -60 degrés. Vous avez désormais compensé la rotation supplémentaire. Le champ devrait être projeté dans la bonne orientation. Veuillez remarquer que les axes du BEV sont dessinés au-dessus de l'image de l'EPID.

Réglage de la profondeur et de la DSP

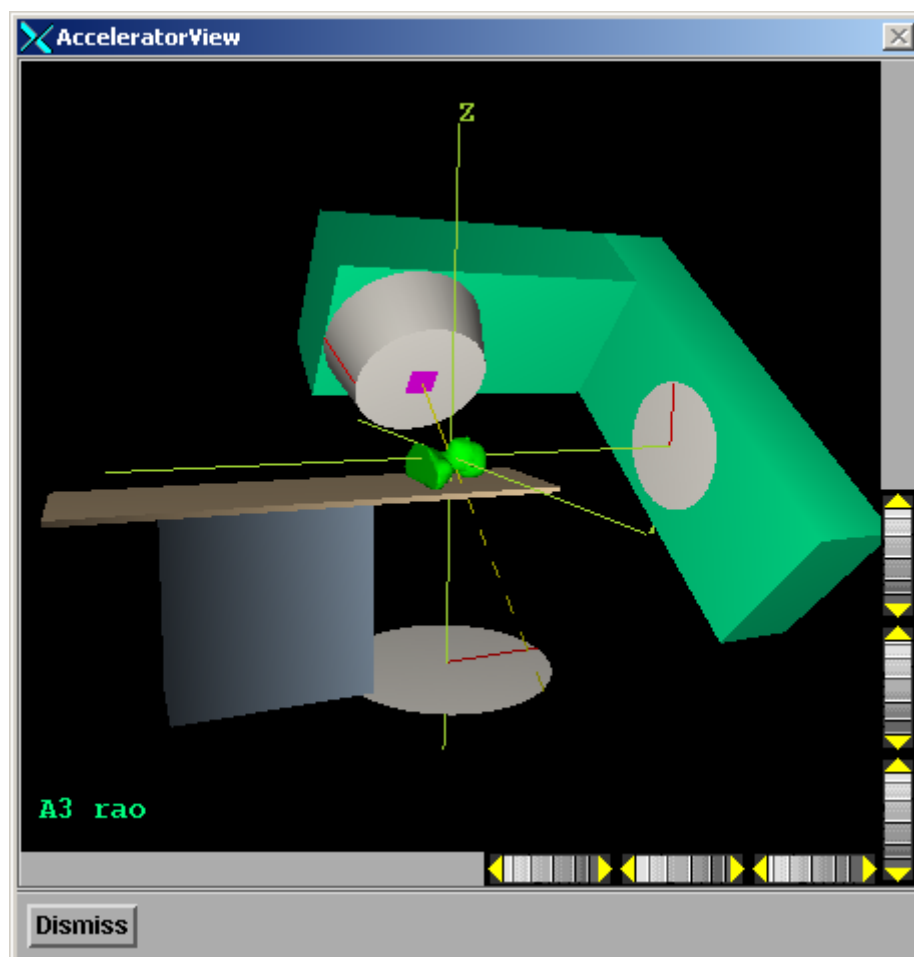
Une commande est prévue pour régler la profondeur de l'isocentre ou la distance source surface (DSP) du faisceau. Lors de la spécification de la profondeur ou de la DSP, l'isocentre glissera le long du rayon central actuel pour correspondre à la spécification de la profondeur ou de la DSP. Pour ce faire, le rayon central doit couper le volume défini par le contour externe du corps. Si l'axe central n'est pas en intersection avec la silhouette du corps, les champs de saisie de la profondeur et de la DSP seront vierges. Lorsque cette commande est active, la DSP et la profondeur seront rapportées lors des déplacements du faisceau.



Commande contextuelle de paramétrage de la profondeur et SSD

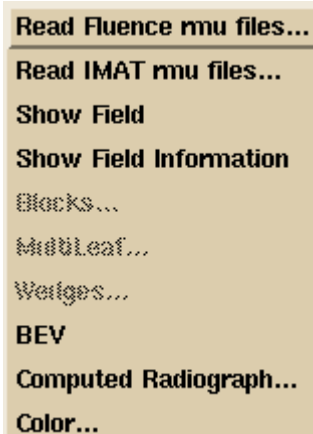
Assistance visuelle

L'assistance visuelle montrera l'accélérateur dans son état de rotation actuel et elle permettra de comprendre la géométrie d'un faisceau spécifique. La limite de la peau est affichée sur le haut de la table. Le nom du faisceau se trouve dans le coin en bas à gauche.



Options

Les options du programme Dosimetry Check comprennent la sélection du champ mesuré à associer au faisceau. En outre, il est possible de modifier la couleur utilisée pour dessiner le faisceau. La couleur est utilisée lorsque la barre d'outils du faisceau n'est pas affichée. Pour déplacer le faisceau, une couleur en surimpression est utilisée pour tout le dessin (pour les graphiques à 24 plans (couleurs réelles), l'opération XOR est utilisée). Les BEV et les radiographies calculées sont également disponibles.



Lecture des fichiers de fluence RMU

Dès la récupération d'un plan, une fonction de plan est lancée afin de rechercher des fichiers RMU pour les faisceaux non associés à une fluence mesurée. Le programme effectue une recherche dans le répertoire avec le chemin :

FluenceFiles.d -> nom_plan-> nom_faisceau-> IMRT

pour les fichiers du faisceau. En sélection manuelle, vous pouvez naviguer dans n'importe quel sous-répertoire de FluenceFiles.d.

Si les fichiers sont introuvables ou vous devez changer la fluence mesurée, vous pouvez de nouveau sélectionner les fichiers ici. Veuillez remarquer que vous pouvez également lire les données de plusieurs fichiers RMU pour les ajouter.

Les choix actuels sont lire un fichier RMU (fluence ou matrice de dose d'un champ) généré par la fonction « *Field Dose* » ou d'autres fonctions permettant d'obtenir un fichier de dose d'un champ, tel que les utilitaires capable de lire les fichiers d'images intégrés d'EPID ou tout autre dispositif électronique comme la matrice de chambre d'ionisation PTW 729 ou la matrice de diode MapCheck. Ici les images ont été positionnées dans les coordonnées du BEV et converties en nombre d'unité moniteur relatif à l'aide d'une courbe d'étalonnage ou une constante. Une exception est faite pour les images d'un EPID qui ne tournent pas avec l'angle du collimateur. Pour ces dispositifs, le programme définira un angle nul pour le collimateur lors de la lecture du fichier de la dose du champ, car les données sont en position sans rotation.

Vous pouvez sélectionner plusieurs fichiers RMU (dose de champ) pour un faisceau. Ceci permettra d'ajouter les fichiers ensemble. Cette option est fournie lorsqu'un déplacement du chariot peut être requis avec le CML Varian (champ splitté) et chaque position du chariot est intégré séparément. Les fichiers de fluence à ajouter doivent tous avoir les mêmes tailles de pixel, distances et tailles d'image.

Le programme créera un écran de cadres vides pour afficher les images de fluence de tous les faisceaux. Dans la fenêtre contextuelle de sélection de fichiers, sélectionnez les fichiers de fluences pour les faisceaux actuels. Une pression sur le bouton « *Apply* » (Appliquer) affiche l'image de fluence du champ, puis la barre d'outils de faisceau se redéfinit et sélectionne le prochain faisceau. Continuez d'appuyer sur le bouton appliquer après avoir sélectionné les fichiers RMU de fluence pour chaque faisceau, mais assurez-vous de vérifier que vous sélectionnez les bons fichiers pour le faisceau sélectionné (selon l'indication du menu d'option de la barre d'outils de faisceau). Une pression sur le bouton « *OK* » au lieu du bouton « *Apply* » terminera le processus de sélection après la sélection en cours.

Lecture des fichiers IMAT RMU

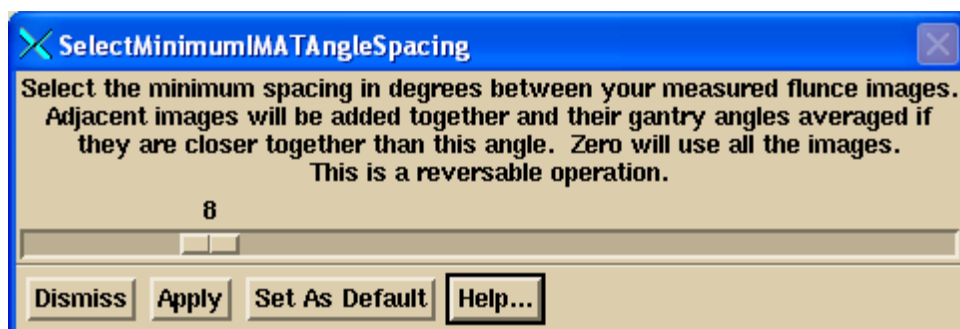
Pour un faisceau IMAT, vous sélectionnerez tous les fichiers RMU qui simulent la rotation du faisceau. Les fichiers pour chaque faisceau se trouvent dans un sous-répertoire de « FluenceFiles.d » dont le chemin est :

FluenceFiles.d -> nom_plan-> nom_faisceau-> IMAT

À l’affichage de la fenêtre de sélection du fichier, sélectionner le bon répertoire (dossier) à gauche de la fenêtre contextuelle de dialogue. Lorsque vous voyez la liste de fichiers à droite, sélectionnez tous les fichiers. L'angle du bras auquel la mesure est prise figure dans chaque fichier RMU. La dose sera calculée pour un faisceau à chaque angle, à l'aide du fichier RMU de cet angle, avec la rotation simulée par la somme de tous les faisceaux aux différents angles de bras. L'angle du bras sera affiché dans l'image de chaque fichier RMU. Un écran distinct est créé pour chaque faisceau afin de contenir les images de ce faisceau.

Sélection de l'espacement angulaire des images IMAT

Cette option vous permet de fusionner les images dont les angles de bras sont plus proches que l'angle de séparation minimum sélectionné ici (voir contrôle ci-dessous). La rotation est simulée par les faisceaux statiques, chacun d'entre eux à l'angle de bras du fichier RMU. Cependant, le calcul d'un plus grand nombre de faisceaux prendra plus de temps.



Par exemple, si vos images sont prises tous les 5 degrés et vous sélectionnez 10 degrés ici, alors les images à 0 et 5 degrés s'ajouteront, 10 et 15 degrés s'ajouteront, 20 et 25 degrés s'ajouteront, etc. La moyenne des angles sera calculée de manière à ce que le premier angle soit signalé à 2,5 degrés pour les images à 0 et 5 degrés, 12,5 degrés pour 10 et 15 degrés, etc. De ce fait, vous réduisez le nombre de faisceaux utilisés pour simuler la rotation, ce qui offre un gain de temps lors du calcul. Cependant, vous pouvez vous attendre à une perte de précision. La perte de précision est d'autant plus importante, plus vous vous écartez du centre de rotation.

Si vous quittez le programme et sélectionnez à nouveau ce patient et ce plan plus tard, vos choix seront conservés. De la même manière, tout changement dans la zone de restriction sera conservé pour les images combinées et non combinées.

Cette opération est réversible. Si vous sélectionnez zéro, toutes les images originales seront affichées et utilisées.

Vous pouvez également définir une valeur par défaut pour tous les plans futurs. Mais le changement de la valeur par défaut n'affectera pas les autres faisceaux présents dans ce plan. Vous devrez éditer chaque faisceau comme vous l'avez fait pour celui-ci.

Si deux ou plusieurs images sont ajoutées ensembles, la première image sera remplacée par l'image résultante de la sommation et les autres images n'apparaîtront plus. L'angle du bras affiché sera l'angle utilisé pour la position de l'image résultante dans tous les cas.

Si vous voulez comparer les résultats, nous vous suggérons de copier le plan puis de comparer les deux plans en apportant les modifications à l'une des copies. La fonction « *Copy plan* » (copier un plan) se trouve dans la barre d'outils « *Plans* ». Vous pouvez uniquement copier un plan qui a été sélectionné et qui est actuellement chargé en mémoire.

Cet utilitaire n'enregistre pas la matrice de dose calculée à partir d'une matrice de fluence RMU lorsque vous associez les champs ou les restaurez à l'aide des images originales.

Show Filed (Afficher le champ)

Une fonction est également proposée pour afficher à nouveau cette image de dose de champ en sélectionnant tout d'abord un cadre vide, puis en sélectionnant la fonction « Show Field » (Afficher un champ) dans le menu déroulant « Options ».

Show Field Information (Afficher les informations du champ)

Cette option permet d'afficher les informations relatives à la fluence du champ et concernant les fichiers d'entrée, ainsi que l'étalonnage et les paramètres de déconvolution.

New Fluence Images (Nouvelles images de fluence)

Si de nouvelles images de fluence sont générées, lors de l'extraction d'un plan, les nouveaux fichiers seront détectés, mais pas utilisés, sauf si l'utilisateur choisit de remplacer l'ancienne fluence par la nouvelle.

Computed Radiograph and BEV (DRR et BEV)

Une radio reconstruite et une BEV peuvent être sélectionnées à l'affichage. Une BEV est une modélisation en solide 3D avec vision perspective de l'œil situé à la source des rayons x. Une radio reconstruite peut se trouver en arrière fond ou apparaître seule. En cas de déplacement du faisceau, la DRR sera effacée.

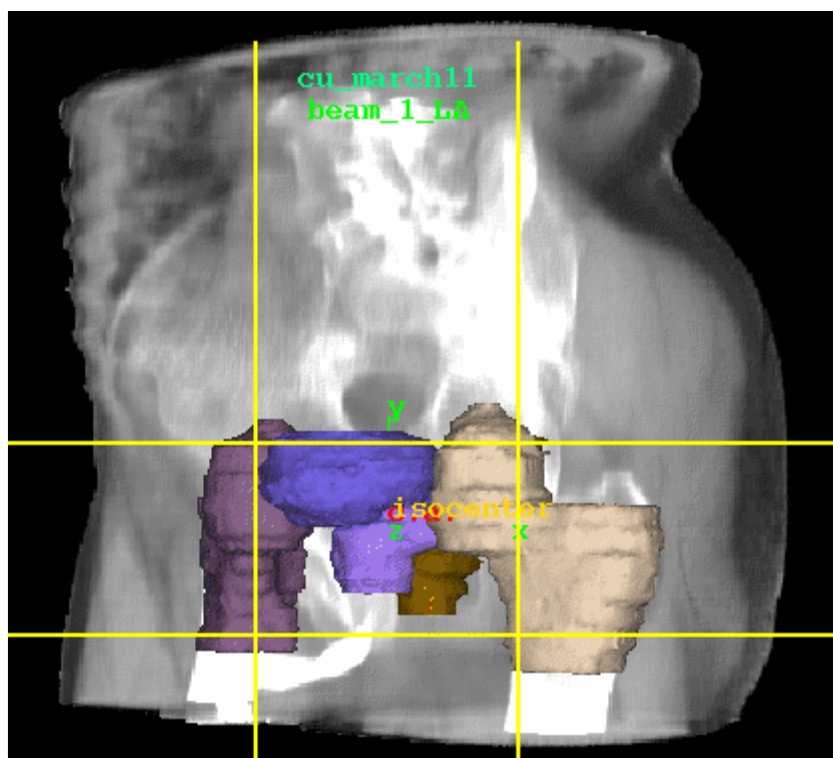
La DRR calculée est sélectionnée dans le menu déroulant « Options ».



Barre d'outils DRR

Sélectionner un cadre vide (en cliquant sur le gros bouton occupant un cadre vide). Vous pouvez créer un écran de cadres vides avec le bouton « *Screen Control* » (Gestion d'écran) (en bas à droite sur le côté de la fenêtre principale du programme).

Le curseur de défilement d'amélioration du contraste élève les nombres CT à la puissance sélectionnée afin de simuler un effet photoélectrique. La valeur de quatre est un bon choix. Vous pouvez ajouter la radio calculée (ou DRR - Digitally Reconstructed Radiograph [Radiographie à reconstruction numérique]) à une BEV existant pour le faisceau ou créer une nouvelle BEV avec la DRR en arrière fond, ou vous pouvez afficher la DRR toute seule.



Exemple de DRR pour un champ oblique.

Un exemple de DRR est illustré ci-dessous avec les régions d'intérêt correspondantes délimitées.

Le « *Frame Control* » (Contrôle de cadre) en bas du cadre 3D peut être utilisé pour contrôler les objets dessinés.

Modulation

Une pression sur ce bouton module la DRR avec l'image de fluence pour le faisceau. Ainsi la DDR sera la représentation d'un film. Le fait de placer une ROI transparente au-dessus donnera une indication de la position du faisceau par rapport à l'anatomie du corps.

Utilitaires

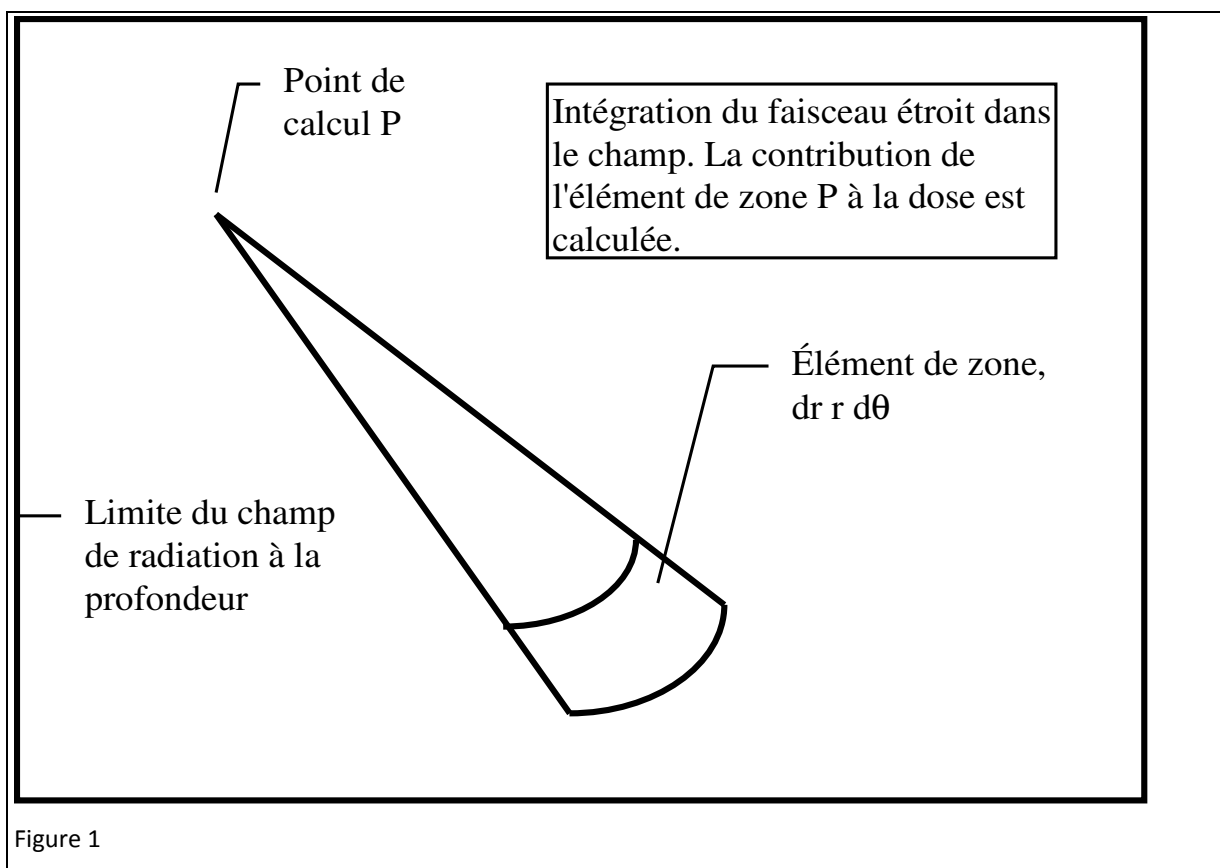
Il existe un utilitaire pour télécharger la matrice de dose 3D d'un faisceau dans un fichier. Avec ce fichier binaire, la matrice de dose sera transformée en coordonnées de BEV. Les unités seront en centiGray. Le fichier est utilisé par le programme « *AnalyzeBeam* » afin de comparer la dose calculée en fonction de celle mesurée à l'aide de l'équipement de balayage de faisceau. Les profils de faisceau calculés et mesurés peuvent ensuite être tracés ensemble à des fins de comparaison. Généralement, cette option est utilisée pour le contrôle qualité.

Fichier de géométrie de machine

La géométrie de la machine de traitement est spécifiée dans le fichier de géométrie dans le sous-répertoire de la machine de traitement. Toutes les machines sont stockées dans le répertoire spécifié par le fichier « BeamData.loc » dans le répertoire de ressource du programme. Chaque machine occupe un sous-répertoire dans ce répertoire et contient un fichier de géométrie.

Le fichier de géométrie contient des informations à propos de la machine de traitement. Un fichier est fourni en exemple dans la section « *BeamData* ». La définition des directions et des coordonnées est très importantes pour les paramètres de la machine de traitement. Par exemple, l'angle du bras quand la machine pointe en direction du sol et le sens de rotation qui représente une augmentation de cet angle. Ce fichier doit être modifié afin de l'adapter à votre machine. Les coordonnées du faisceau sont stockées dans les repères IEC et le fichier de géométrie est utilisé pour traduire ces coordonnées dans l'interface utilisateur. Le changement des définitions du système de coordonnées de l'accélérateur ne change pas le positionnement des faisceaux existants.

SECTION 6: ALGORITHME DE DOSE



Algorithme de dose

Le programme utilise un algorithme de faisceau étroit (« *Pencil Beam* »). Nous communiquerons ci-dessous les détails sur la manière dont le faisceau étroit est obtenu à partir des données de faisceau mesurées et des noyaux de calcul de Monte Carlo. Un seul noyau poly-énergétique est utilisé pour représenter le faisceau étroit. Ce choix a été fait pour deux raisons. Tout d'abord, nous voulions que cet algorithme soit le plus rapide possible. Le calcul distinct de chaque énergie avec un spectre et des noyaux mono-énergétiques aurait fortement réduit la vitesse. Nous partons du principe que si une plus grande précision est désirée, autant utiliser l'algorithme de Monte Carlo, afin de disposer d'un algorithme rapide pour des résultats rapides et un lent pour plus de précision. Puis pour l'application Dosimetry Check, nous devons tenir compte des informations fournies. Nous pouvons uniquement mesurer la dose dans le plan perpendiculaire au faisceau, et non le spectre, au niveau de chaque pixel couvrant le champ d'irradiation. De ce fait, nous avons besoin d'un algorithme capable de démarrer avec la distribution d'intensités par rapport à la dose.

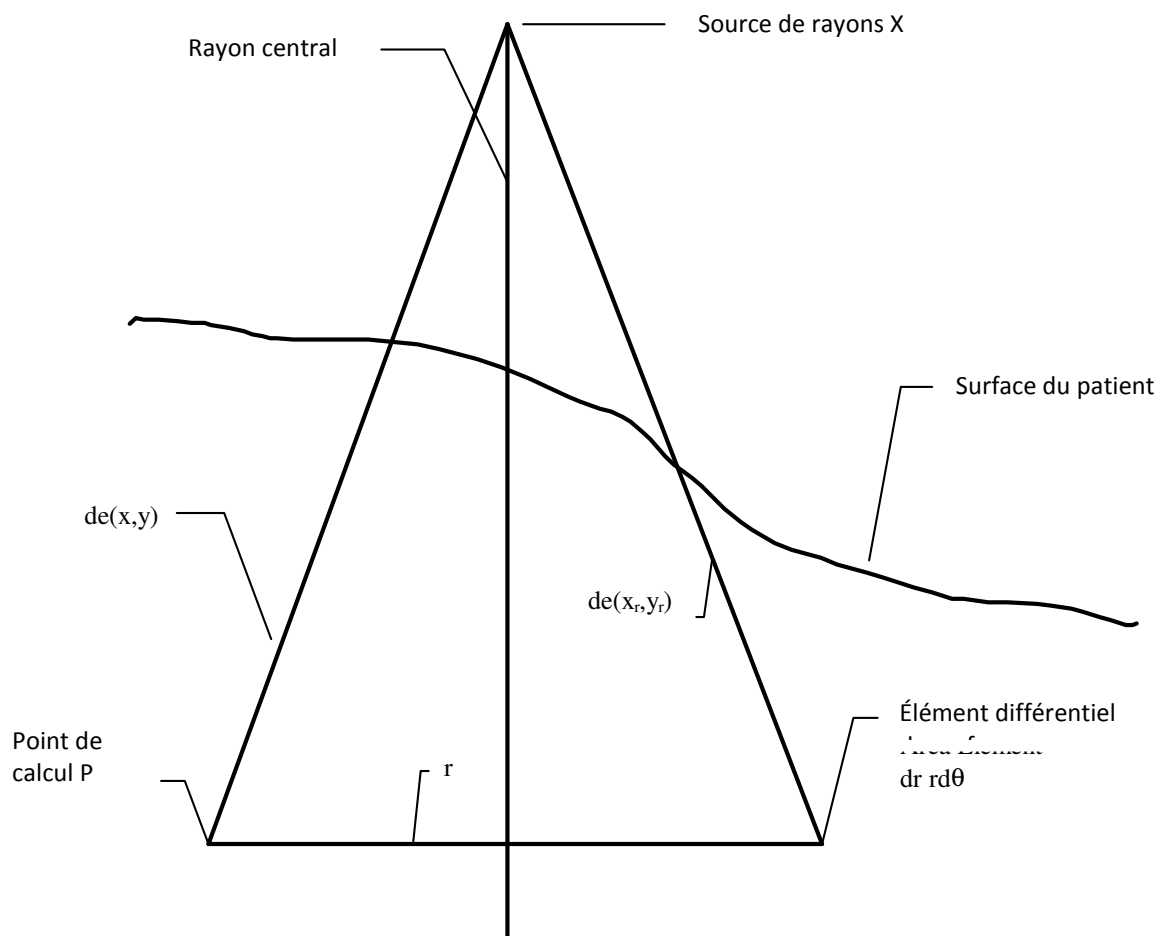


Figure 2

La dose est calculée au point P, selon la formule ci-dessous. r est le rayon à la profondeur depuis le point P par rapport à l'élément différentiel de surface $dr \, rd\theta$. (x,y) sont les coordonnées de P à la distance source isocentre DSA de la machine de traitement. (x_r, y_r) sont les coordonnées de l'élément différentiel de surface à la distance DSA.

$$dose_P = dose\_c \times OffAxisCorrection(t, de) \times \left(\frac{Sad}{Spd} \right)^2 \times$$

$$\frac{1}{2\pi} \int_0^{2\pi} \int_0^R K(r, de(r, \theta)) \times Field(x_r, y_r) \times \frac{1}{Max \left[1.0, OCR \left(\frac{r}{SSD_K + de(r, \theta)} \right) \right]} dr d\theta$$

où

$$t = \left(\frac{\sqrt{x^2 + y^2}}{Sad} \right)$$

Littéralement, dose_c est la constante calculée qui convertit tout ce qui suit afin d'obtenir la dose étalonée en fonction des dimensions du champ, de la DSP et la profondeur d'étalonnage. De ce fait, les unités du noyau de faisceau étroit importent peu. dose_c est simplement le rapport du débit de dose spécifié, généralement 1,0 cGy/UM, pour une taille de champ, une DSP et une profondeur donnés, sur le résultat calculé pour les mêmes tailles de champ, SSD et profondeur.

La table de correction hors-axe est obtenue à partir des données mesurées de la diagonale du plus grand champ en tenant compte de la divergence à la profondeur. Ce tableau à deux dimensions est simplement le rapport des valeurs mesurées sur les valeurs calculées en fonction de la tangente de l'angle avec le rayon central, t ci-dessus et la profondeur. La profondeur « de » est la profondeur radiologique équivalente du point de calcul P. « de » est calculé en traçant un rayon du point d'entrée sur le corps du patient et en additionnant les longueurs incrémentielles du chemin multipliées par la densité au niveau du site. Ce tableau permet de tenir compte des changements de pénétration du faisceau hors-axe, car le noyau a été obtenu à partir des données du rayon central.

Le terme SAD/SPD au carré est la loi de l'inverse carré des distances, où SAD est la distance source axe de la machine de traitement qui est généralement de 100 cm. SPD est la distance entre la source et le plan contenant le point P, le long du rayon central.

L'intégration du « kernel » (noyau) du faisceau étroit sur la surface du champ est détaillée ensuite. Cette formule est purement symbolique. Nous pouvons uniquement effectuer une intégration numérique par informatique, mais la formule montre le principe mathématique. Le noyau $K(r, de(r, \theta)) / 2\pi r$ est la dose à la distance radiale r à la profondeur du point P, contribué par l'élément de surface $dr \cdot rd\theta$. La distance $de(r, \theta)$ dans les coordonnées cylindriques centrées sur P ou $de(x_r, y_r)$ dans les données cartésiennes représente la profondeur équivalente du plan perpendiculaire au rayon central qui contient le point P le long du rayon divergeant traversant l'élément différentiel de surface à la peau. Dans la réalité, nous n'avons pas ce noyau K mais plutôt son intégrale de 0 à r qui est la dose en P contribué par le disque circulaire de rayon r à cette profondeur. Donc nous effectuons en réalité la différence (de dose) par rapport à dr dans le calcul numérique. Il convient de remarquer que le terme r s'annule et que nous avons factorisé le terme 2π pour le sortir de l'intégrale.

L'élément différentiel de surface est pondéré par l'intensité du champ en (r, θ) , montré ici en coordonnées cartésiennes (x_r, y_r) à la distance SAD. Pour le programme « Dosimetry Check », ceci est directement obtenu de la valeur du pixel correspondant dans le champ mesuré. En comparaison, le programme « *GenerateFieldDoseImage* » calcule cette valeur à chaque emplacement de pixel sous forme de produit du nombre UM, du facteur de diffusé du collimateur, la table des profils dans l'air et l'atténuation de caches éventuels. Pour la planification du traitement général, nous désirons également modéliser l'atténuation du coin, du compensateur ou autres dispositifs influant sur la fluence du champ comme le collimateur multilames.

La fraction ayant la fonction « Maximum » de 1 et profil dans l'air OCR a pour but de corriger le noyau de convolution, car il a été obtenu à partir de données qui tiennent compte du profil. Ici la division est effective tant que la valeur de l'OCR est supérieure à un. L'effet de la plupart des filtres égalisateurs sur le profil fait que la fluence dans l'air augmente initialement avec la distance hors axe. Nous voulons corriger cet effet. Sinon, les points sur l'axe central pourraient se voir appliqués effectivement l'effet de l'OCR deux fois pendant

l'intégration sur la surface du champ, une fois intégré au noyau, puis formellement via le terme du Champ ci-dessus.

Mais près des bords du plus grand champ, la valeur OCR baisse souvent à cause de l'effet de bord due au collimateur primaire. Nous ne voulons pas annuler cet effet dans ces zones. Ici, la correction est un compromis afin d'atteindre une certaine déconvolution du profil dans le noyau. Parce que l'OCR est enregistré en fonction de l'angle tangentiel d'un rayon par rapport à l'axe central, nous divisons la distance radiale à la profondeur par la DSP utilisée pour mesurer les champs à partir desquels est généré le Kernel plus la profondeur radiologique équivalente du plan perpendiculaire à l'axe central contenant le point de calcul P.

Il convient de remarquer que deux profondeurs équivalentes sont utilisées dans l'équation ci-dessus. L'une suit le rayon divergent jusqu'au point de calcul P, de(x,y). L'autre est dans l'intégration (somme) et elle est tracée le long du rayon à partir de la surface jusqu'à l'élément différentiel de surface $rdrd\theta = de(x_r, y_r)$. Le processus de lancer de rayon n'est réalisé qu'une seule fois pour chaque rayon. Une grille linéaire divergente couvrant la surface du champ est générée. Chaque rayon de la grille est tracé à travers le patient et la profondeur équivalente cumulée est stockée à intervalles le long de chaque rayon. L'espacement entre les rayons est réglé à mi-épaisseur du patient, à la résolution spatiale de la matrice de dose que l'utilisateur peut réinitialiser avec les valeurs par défaut. En dessous de ce plan, les rayons divergent davantage et au-dessus, ils convergent. Les points nodaux sont répartis le long des rayons dans des plans d'intersection équidistants, perpendiculaires au rayon central. Les profondeurs équivalentes sont enregistrées au niveau de ces points nodaux. Au cours de l'intégration numérique au-dessus de chaque plan mentionné ci-dessus, le rayon le plus proche est utilisé pour déterminer la profondeur équivalente. Les mêmes points nodaux stockant les profondeurs équivalentes définissent également les points à calculer. Tous les autres points sont interpolés dans cette matrice divergente.

Il convient de noter ici les simplifications réalisées. L'intégration se fait dans le plan perpendiculaire au rayon central qui contient le point P. Rigoureusement, l'on peut arguer que l'intégration devrait se faire dans le plan perpendiculaire au rayon reliant la source au point P. Dans le pire des cas, pour la taille de champ la plus grande (40x40), le rayon au bord du champ sur un axe principal fait un angle de 78,7 degrés au lieu de 90 degrés, soit une différence de 11,3 degrés, ce qui ne constitue pas une grande différence. La Correction hors-axe susmentionnée aura tendance à annuler l'influence de telles simplifications. Afin d'être cohérent, la Correction hors-axe est calculée à l'aide du même algorithme. La correction de la divergence de la profondeur le long du rayon (par la loi de l'inverse carré des distances) n'a pas apporté de différence significative par rapport à l'utilisation de la profondeur verticale parallèle au rayon central. Une autre simplification est faite ci-dessous dans la réalisation du noyau du faisceau étroit. Nous partons du principe qu'à une profondeur d et un rayon r, la dose sera la même pour un cylindre de rayon r que pour un cône divergent de rayon r à la même profondeur. Il s'agit de la même approximation réalisée dans le concept de Rapport tissu air (RTA).

Des tableaux matriciels rectangulaires de points équidistants sont générés pour des images planaires et une grille tridimensionnelle de points est générée pour des vues de salles en 3D. La dose à ces points est calculée pour chaque faisceau par interpolation dans le tableau de rayons divergents des points générés pour chaque faisceau. Ceci signifie qu'en général la dose est interpolée pour un point se trouvant entre les huit coins du parallélépipède divergeant. Nous interpolons avec moins de huit points, dans la mesure où la somme des pondérations des points est supérieure à 0.5, car certains points nodaux peuvent se trouver en dehors du patient. Une fois calculé, chaque faisceau enregistre sa matrice de dose dans un fichier sur disque, sauf si le faisceau est modifié. Dans ce cas, un nouveau tableau matriciel de dose en éventail est créé.

Création du noyau

Le programme « *GenerateBeamParameters* » calcule le noyau de convolution du faisceau étroit à partir des données mesurées. Ceci se fait en deux étapes. Nous avons commencé avec des fonctions de dispersion ponctuelles (psf) mono-énergétique calculées selon la méthode de Monte Carlo. Nous les avons utilisés pour

calculer les noyaux de faisceau étroit mono-énergétiques. Ensuite, nous prenons les données de l'axe centre à différentes tailles de champs pour optimiser un spectre. Nous contraignons le spectre en une courbe lisse à l'aide d'une distribution gaussienne (ou normale), avec un paramètre de dispersion différent avant et après la valeur de pic, pour aboutir aux paramètres d'optimisation à savoir : la valeur d'énergie du pic gaussien E_0 , l'amplitude du pic A , la dispersion avant le pic σ_l et la dispersion après le pic σ_u .

$$I = A \times \exp\left(\frac{-(E-E_0)^2}{\sigma}\right)$$

où

$$\sigma = \begin{cases} \sigma_l & \text{when } E \leq E_0 \\ \sigma_u & \text{when } E \geq E_0 \end{cases}$$

En utilisant ces noyaux et spectres pour calculer la dose, la dose à la surface est obligatoirement nulle, alors que des électrons de contamination entraîneront une certaine dose à la surface. Avec les rayonnements de faibles énergies comme 6 MeV, le spectre avec les noyaux calculés selon la méthode de Monte Carlo peut reproduire le rendement en profondeur mesuré à partir de d_{max} et plus profondément. Cependant, pour des énergies plus élevées comme 18 MeV, les électrons de contamination ont un certain effet, même à d_{max} et plus profondément jusqu'à 5 ou 6 cm, entraînant des différences de deux à trois pour cent à la petite ou à la grande extrémité de la plage de taille de champ. Sans modéliser les électrons de contamination, nous ne pouvons pas utiliser ce spectre et les noyaux mono énergétiques. Comme nous l'avons expliqué ci-dessus, nous devons également tenir compte du fait que nous accélérons le calcul en utilisant un seul noyau pondéré. De ce fait, nous abandonnons la possibilité de corriger la variation du spectre en dehors de l'axe. L'utilisation des données hors-axe permet d'adapter un spectre différent à des intervalles distance hors-axe. Le point déterminant à prendre en compte outre le temps de calcul est que les informations ultimes calculées à l'aide du programme « Dosimetry Check » est la dose dans un plan perpendiculaire au rayon central et non le spectre.

Pour ces raisons, nous avons préféré générer un noyau étroit poly-énergétique. Le spectre et les noyaux mono-énergétiques susmentionnés sont utilisés pour trois raisons :

Premièrement, à une profondeur de 10 cm, au-delà de la portée des électrons de contamination nous pouvons calculer le diffusé dans le fantôme. Ceci offre un moyen de séparer le facteur du diffusé du collimateur (Sc) du facteur du diffusé total (Scp) sortie mesuré pour chaque champ.

Deuxièmement, nous pouvons calculer l'équivalence entre des champs circulaires en fonction des champs carrés, de nouveau à une profondeur de 10 cm et utiliser la table résultant pour assigner un rayon équivalent à chaque taille de champ carré dans la table de rendement en profondeur mesuré. Maintenant, nous pouvons calculer le noyau étroit cumulé en fonction du rayon et de la profondeur à partir des données de rendement en profondeur mesurées avec des champs carrés.

Troisièmement, nous pouvons générer le noyau étroit poly-énergétique pour une taille de champ comprise entre zéro et 60 cm de rayons et jusqu'à 60 cm de profondeur (la plage de couverture des

noyaux mono-énergétiques), en ajustant les résultats obtenus avec les noyaux mono-énergétique et le spectre afin qu'ils soient identiques au point de recoupement des tables. Depuis la surface jusqu'à d_{max} , la courbure calculée à d_{max} est simplement ajustée pour adapter les points terminaux du champ le plus petit et du champ le plus grand, en étendant au rayon nul et au rayon de 60 cm respectivement.

Ceci nous permet de produire un noyau poly-énergétique qui, nominalement, retrouve le même rendement en profondeur pour toutes les profondeurs et toutes les tailles de champs mesurées.

Programme *GenerateBeamParameters*

Ce programme réalise la fonction susmentionnée d'adaptation du spectre puis, à l'aide de résultat, il aide à former un noyau poly-énergétique à partir des données de faisceau mesurées. Après la création du noyau polyénergétique, ce programme calcule la table de correction hors-axe à partir des données de la diagonale du plus grand champ mesurées dans l'eau à différentes profondeurs. Ensuite le programme calcule la dose dans les conditions d'étalonnage spécificités (taille de champ, profondeur et DSP) et il utilise le résultat pour calculer la constante de normalisation qui convertira les résultats calculés par Dosimetry check en cGray/MU. Enfin, le facteur du diffusé du collimateur (Sc) est calculé pour chaque taille de champ en divisant le FOC (Sc_p) mesuré par le facteur du diffusé dans le fantôme (Sp) calculé. Le facteur de diffusé du collimateur (FOC dans l'air) est utilisé par le programme « *GenerateFieldDoseImage* » pour calculer l'équivalent d'un champ mesuré qui sera utilisé à des fins de test.

Ce programme fonctionne sous ASCII, ce qui signifie qu'il est piloté par des commandes au clavier dans une fenêtre de commande xterm ou DOS. Le programme vous invitera à sélectionner la machine de traitement, puis l'énergie. Le programme prend ensuite quelques minutes surtout pour les premières étapes d'adaptation d'un spectre. Le programme s'arrête en cas d'erreur telle qu'un fichier manquant. Veuillez à vérifier tous les messages d'erreur lorsque le programme est terminé, afin de vous assurer qu'il a bien calculé tous les fichiers de sortie nécessaire.

Programme *ComputePolyCAFiles*

Ce programme ASCII compare la dose dans les fichiers de données de l'axe central avec les données calculées à l'aide du faisceau étroit. Un rapport est fourni. Il peut être imprimé. Ce programme fonctionne sous ASCII, ce qui signifie qu'il est piloté par des commandes au clavier dans une fenêtre de commande xterm ou DOS. Il fournit un test garantissant que le noyau a été convenablement créé.

Références

1. T.R. Mackie, J.W. Scrimger, J.J. Battista, "A Convolution Method of Calculating Dose for 15-MV X-Rays", Med. Phys., Vol. 12, No. 2, Mar/Apr 1985, pp 188-196.
2. M.D. Altschuler, P. Bloch, E.L. Buhle, S. Ayyalasomayajula, "3D Dose Calculations for Electron and Photon Beams", Phys. Med. Biol., Vol. 37, No. 2, 1992, pp 391-411.
3. N. Papanikolaou, T.R. Mackie, C. Wells, M. Gehring, P. Reckwerdt : "Investigation of Convolution Method for Polyenergetic Spectra", Med. Phys., Vol. 20, No. 5, Sept/Oct 1993, pages 1327-1336.
4. P.A. Jursinic, T.R. Mackie, "Characteristics of Secondary Electrons Produced by 6, 10, and 24 MV X-Ray Beams", Phys., Med. Biol., Vol. 41, 1996, pp 1499-1509.
5. P. Bloch, M.D. Altschuler, B.E. Bjarngard, A. Kassae, J.M. McDonough, "Determining Clinical Photon Beam Spectra from Measured Depth Dose with the Cimmino Algorithm", Phys. Med. Biol, Vol. 45, 2000, pp 171-183.

Remerciements

L'auteur aimerait remercier le Dr. Thomas (Rock) Mackie de l'Université du Wisconsin, le Dr. Martin Altschuler et le Dr. Peter Bloch de l'Université de Pennsylvanie, pour leur aide et les discussions précieuses sur la méthode de calcul avec les noyaux de faisceau ponctuels et étroits respectivement.

SECTION 7 : DONNEES RELATIVES AU FAISCEAU

Données relatives au faisceau

Les données de base génériques peuvent convenir pour l'utilisation du programme Dosimetry Check. Les données génériques fournies peuvent être copiées pour créer une machine. Ensuite, il pourrait uniquement être nécessaire d'éditer le fichier de géométrie en spécifiant les paramètres géométriques de la machine de traitement et pour chaque énergie, le fichier d'étalonnage. Les données génériques fournies permettent de créer des modèles de modification ou de création de données de faisceau pour une machine spécifique. Un utilitaire utile est « *ReplaceText* » qui remplace le texte recherché par une autre chaîne, afin de changer le nom de la machine dans les fichiers dans le cas de la construction d'un fichier de données de faisceau à partir d'un modèle. Après la modification du fichier d'étalonnage, veuillez à lancer le programme « *ComputeCalConstant* ».

Tous les fichiers sont des fichiers texte ASCII auto-documentés. Les informations numériques sont délimitées par des espaces vierges. Les champs de texte que les programmes doivent lire sont entourés par les symboles <* et *>. S'il n'y a pas d'espace (espace vierge) dans la chaîne de texte, le texte n'a pas besoin d'être délimité par les symboles susmentionnés. Deux barres obliques en début de ligne désignent une ligne de commentaire. Un commentaire peut également être délimité par /* et */ et être intégré dans une chaîne. Lors de la lecture des fichiers, les programmes ignorent les commentaires.

Des utilitaires peuvent exister pour copier les données de faisceau existantes dans d'autres formats selon la structure de fichier requise ici. Le programme « *ConvertRenBeamFiles* », par exemple, copie les fichiers de données de faisceau ASCII pour Render-Plan 3-D d'Elekta Oncology dans notre format de fichier. Il s'agit d'un programme ASCII lancé dans une fenêtre xterm ou DOS. Il suffit d'indiquer le nom du programme, le répertoire où les fichiers de données de faisceau Render-Plan se trouvent et le répertoire de destination où les fichiers de données doivent être copiés et transformés. Nous pensons écrire ces utilitaires en fonction des besoins, au fur et à mesure des exemples de données de faisceau que les gens nous fourniront.

Toutes les données de faisceau sont stockées dans le répertoire spécifié par le fichier « *BeamData.loc* » dans le répertoire de ressource du programme. Chaque machine de traitement est représentée par un sous-répertoire. Le sous-répertoire contient des fichiers avec des informations se rapportant à la machine de traitement. Chaque énergie disposera de son propre répertoire, par exemple X06 pour les rayons X de 6 MV, X18 pour les rayons X de 18 MV. Nous donnerons ici des exemples de ces fichiers.

Le programme *GenerateBeamParameters*

Le programme « *GenerateBeamParameters* » lira les fichiers d'entrée mentionnés ci-dessous et écrira les fichiers de sortie. Les fichiers de sortie ne sont pas documentés ici. Cependant, les fichiers ASCII sont auto-documentés. Généralement, il n'est pas nécessaire d'éditer les fichiers de sortie, mais ils peuvent fournir des informations utiles. Les fichiers de noyau sont stockés sous forme de fichier binaire. Ce programme est décrit ci-dessus dans la section Algorithmes.

Fichier de description de la machine

Ce fichier contient simplement un texte de description de la machine de traitement.

Exemple de nom de fichier : Description

Exemple de fichier :

```
/* file format version : */ 1
<* SL20, 6 and 18 MeV x-rays*>
```

Fichier de géométrie de machine

Ce fichier définit la géométrie d'une machine de traitement.

Exemple de nom de fichier : Géométrie

Exemple de fichier :

```
/* file format version : */ 2

/* Source Axis Distance (cm) = */ 100.00
// This is also the distance field sizes are defined at.
/* largest field size (cm) is */ 16 21
```

Dans la version 2 du format, ci-dessus, deux chiffres sont attendus pour la taille maximale de champ (40 40, dans les cas courants). Mais pour une machine, cette taille est de 16 par 21. Le premier chiffre est la longueur du champ dans le BEV, suivant l'axe X et le second la largeur le long de l'axe Y.

Le précédent format se trouve ci-dessous, le reste est identique :

```
/* file format version : */ 1

/* Source Axis Distance (cm) = */ 100.00
// This is also the distance field sizes are defined at.
```

/* largest field size (cm) is */ 40.00

/* Positive gantry rotation : +1 = clockwise, -1 = counter-clockwise */ -1

/* Gantry angle value when pointed at floor : */ 180.00

/* Positive collimator rotation : -1 = clockwise viewed from ceiling

+1 = counter-clockwise, with accelerator pointed at floor */ -1

/* collimator nominal angle value = */ 180.00

/* collimator rotation lower limit = */ 83.00

/* collimator rotation upper limit = */ 275.00

/* Positive couch rotation : -1 = clockwise viewed from ceiling

+1 = counter-clockwise */ 1

/* couch nominal angle : */ 180.00

/* X axis, positive couch lateral direction, positive is +x IEC (when moves to your right looking toward the gantry)

Enter opposite sign here */ -1

/* center position value (cm) */ 0.00

/* Y axis, positive couch longitudinal direction, positive is +y IEC (when moves toward gantry) Enter opposite sign here */ -1

/* center position value (cm) */ 0.00

/* Z axis, positive couch height direction, positive is +z IEC (when moves up) Enter opposite sign here */ -1

/* center position value (cm) */ 0.00

/* 1 = lower jaws are X jaws (move sideways),

2 = lower are Y jaws (move front to back) */ 1

/* Independent jaws: 0 = neither, 1 = X jaws (left to right)

2 = Y jaws (front to back), 3 = both */ 2

/* label for -X jaw : */ <*X1 *>

/* label for +X jaw : */ <*X2 *>

/* label for -Y jaw : */ <*Y2 *>

/* label for +Y jaw : */ <*Y1 *>

/* limit of travel for each independent jaw, given as a coordinate in cm

-x jaw +x jaw -y jaw +y jaw */

0.00 0.00 10.0 -10.0

Liste des énergies de rayons X

Ce fichier contient la liste des énergies de rayons X (photons) disponibles sur la machine de traitement. Chaque énergie dispose d'un sous répertoire, X06 par exemple.

Exemple de nom de fichier : Photons

Exemple de fichier :

```
/* file format version : */ 1
/* number of photon energies : */ 2
6 18
```

Données du faisceau sur l'axe central

Ce fichier contient les données des champs carrés le long de l'axe central et il est stocké dans le sous-répertoire énergie. Généralement la DSP devrait être la même que la DSA de la machine, généralement 100 cm. Tous les fichiers des données de l'axe central doivent disposer de mesures aux mêmes profondeurs.

Exemple de nom de fichier : CA12.0x12.0_w00_06

Exemple de fichier :

```
/* file type : 2 = Central Axis */ 2
/* file format version : */ 1
/* machine directory name : */ SL20
/* energy = */ 6
/* date of data : */ <*25-AUG-1996 11:22:24*>
/* wedge number, 0 = no wedge */ 0
/* field size in cm = */ 12.00 12.00
/* Source to Surface Distance in cm = */ 100.00
/* Number of depths : */ 47
/* depth cm value*/
0.00 46.680000
0.50 73.089996
1.00 95.760002
1.50 100.120003
1.60 100.000000
2.00 99.199997
3.00 95.699997
4.00 92.080002
```

5.00	87.470001
6.00	83.660004
7.00	79.959999
8.00	76.150002
9.00	72.550003
10.00	68.930000
...	
39.00	15.430000
40.00	13.880000
42.50	12.170000
45.00	10.740000
47.50	9.440000

Veillez remarquer que ce fichier commence par un champ de type fichier qui définit ce fichier comme un fichier de données le long de l'axe central. La version du format de fichier qui suit définit la version de format de ce type de fichier. Si le type de données que ce fichier contient doit changer à l'avenir, nous pouvons tout simplement définir un format différent. Le nom de la machine et son énergie suivent. Il est impossible de transférer les fichiers d'une machine à une autre sans changer le nom de la machine ici. Il s'agit du répertoire de stockage des fichiers. Généralement, les valeurs sont normalisées à 100,0 à dmax.

Liste de fichiers de l'axe central

Ce fichier contient la liste des fichiers de l'axe central.

Exemple de nom de fichier : CAFileListw00_06

Exemple de fichier :

```
/* file type : 7 = list of CA files : */ 7
```

```
/* file format version : */ 1
```

```
/* machine directory name : */ SL20
```

```
/* nominal energy = */ 6
```

```
/* wedge number = */ 0
```

```
CA03.0x03.0_w00_06
```

```
CA04.0x04.0_w00_06
```

```
CA05.0x05.0_w00_06
```

```
CA06.0x06.0_w00_06
```

```
CA08.0x08.0_w00_06
```

```
CA10.0x10.0_w00_06
```

```
CA12.0x12.0_w00_06
```

CA15.0x15.0_w00_06

CA20.0x20.0_w00_06

CA25.0x25.0_w00_06

CA30.0x30.0_w00_06

CA35.0x35.0_w00_06

CA40.0x40.0_w00_06

// Depths measured should be all the same.

Ce fichier est consulté lorsque les données de fichiers d'axes centraux distincts doivent être regroupées pour créer une table de rendement en profondeur en fonction de la taille de champ, comme pour la création du noyau du mini faisceau étroit.

Fichier Dmax

Ce fichier définit simplement les profondeurs de dmax pour une énergie spécifique.

Exemple de nom de fichier : Dmax06

Exemple de fichier :

/* file type : 3 = dmax value */ 3

/* file format version : */ 1

/* dmax in cm = */ 1.60

Fichier de débit de dose en fonction de la taille du champ

Ce fichier contient le débit de dose mesuré pour les tailles de champ.

Exemple de nom de fichier : OutPut06 ou Output_w00_06 (où w00 signifie zéro coin, soit aucun coin)

Exemple de fichier :

/* file type : 5 = output factors */ 5

/* file format version : */ 1

/* machine directory name */ SL20

/* energy */ 6

/* date of file : */ <*25-AUG-1996 11:22:24*>

//Normally only square fields.

// cm cm cm cGy/mu

// field size SSD Depth output factor

3.00 3.00 100.00 1.60 0.891000

4.00 4.00 100.00 1.60 0.910000

5.00	5.00	100.00	1.60	0.921000
6.00	6.00	100.00	1.60	0.933000
8.00	8.00	100.00	1.60	0.953000
10.00	10.00	100.00	1.60	0.969000
12.00	12.00	100.00	1.60	0.985000
15.00	15.00	100.00	1.60	0.998000
20.00	20.00	100.00	1.60	1.021000
25.00	25.00	100.00	1.60	1.034000
30.00	30.00	100.00	1.60	1.044000
35.00	35.00	100.00	1.60	1.049000
40.00	40.00	100.00	1.60	1.051000

Le débit de dose pour la taille du champ d'étalonnage doit être cohérent avec le fichier d'étalonnage suivant. Veuillez remarquer que les valeurs sont en cGy/mu et elle NE SONT PAS simplement normalisée en fonction de la taille du champ d'étalonnage. « Ce n'est pas la FOC »

Fichier d'étalonnage

Ce fichier contient la définition de l'étalonnage de la machine.

Exemple de nom de fichier : Calibration06

Exemple de fichier :

```
/* file type : 4 = calibration */ 4
/* file format version: */ 1
/* machine directory name */ SL20
/* energy */ 6
/* date of calibration: */ <* 31-JUL-1996 13:39:24 *>
/* calibration Source Surface Distance cm : */ 98.40
/* calibration field size cm: */ 10.00
/* calibration depth cm: */ 1.60
/* calibration dose rate (cGy/mu): */ 1,000
```

Veuillez remarquer que cette machine est étalonnée de manière isocentrique à 100 cm du détecteur et donc 98,4 cm de la surface. La spécification aurait également pu être à une distance source peau (DSP) de 100,0 avec un débit de dose de 0,969 cGy/mu.

Constante d'étalonnage

Si l'étalonnage de votre machine est différent des données génériques de faisceau fournies, vous devez uniquement modifier le fichier ci-dessus et lancer le programme « *ComputeCalConstant* » pour les nouvelles spécifications d'étalonnage à utiliser. Il est également possible de lancer le programme « *DefineMonitorUnit* » afin de modifier le fichier d'étalonnage et de calculer la constante de conversion. La constante est écrite dans le fichier « *DoseConvertConstant* ».

Fichier du profil diagonal

Ce fichier contient les données mesurées sur la diagonale de la taille de champ la plus grande. Au lieu d'enregistrer la distance hors-axe, la tangente de l'angle du rayon par rapport à l'axe central est enregistrée. Généralement, il s'agit simplement de la distance hors-axe divisée par 100. Cependant, veuillez remarquer que la mesure ne doit pas nécessairement être prise à une DSP de 100cm, mais peut aussi l'être à une distance plus courte. De même un système d'acquisition de données peut décaler l'axe central vers un angle de la cuve afin de pouvoir réaliser les balayages sur une diagonale. La taille de champ fait référence à l'ouverture des mâchoires et il s'agit de la taille du champ à la distance isocentrique de la machine, généralement 100 cm. Si possible, il conviendra de calculer la moyenne de plusieurs diagonales. Ces données sont utilisées pour calculer le facteur de correction hors-axe qui tient compte du changement de la pénétration du faisceau en dehors de l'axe du fait de la modification de spectre de l'énergie quand on s'éloigne de l'axe.

Les profondeurs dans la table peuvent être spécifiées et mesurées verticalement le long de l'axe central ou en suivant le rayon divergent. Pour la profondeur verticale, toutes les données de chaque profondeur se trouvent sur le même plan. Pour la profondeur avec divergence, les données de la même profondeur se trouvent sur un arc. La plupart des systèmes d'acquisition de données mesurent les profils avec une profondeur verticale.

Les données de profil ici commencent à partir de l'axe central et se déplacent selon une diagonale de 45 degrés vers un coin du champ. Un pas de 1 ou 2 cm est suffisant. Toutes les données de chaque point du profil doivent coïncider avec un rayon divergent.

Exemple de nom de fichier : DiagFanLine40.0_w00_06

Exemple de fichier :

```
/* file type : 6 = Diagonal Fan Line */ 6
/* file format version: */ 1
/* machine directory name: */ SL20
/* energy = */ 6
/* date of data: */ <*25-AUG-1996 11:22:24*>
/* wedge number, 0 = no wedge */ 0
```

```
/* field size in cm, x direction, y direction = */
```

```
40.00 40.00
```

```
/* Source to Surface Distance in cm = */ 100.00
```

```
/* 1 = slant depth, 2 = vertical depth */ 1
```

```
/* Number of depths: */ 41
```

```
/* Number of radii: */ 15
```

```
// depth cm    tan = radius/distance
```

```
0.0000 0.0200 0.0400 0.0600 0.0800
```

```
1.65 1.00000 1.01010 1.01710 1.02360 1.03420
```

```
2.00 0.99030 1.00390 1.01130 1.01610 1.02680
```

```
2.50 0.97490 0.98820 0.99640 1.00060 1.01110
```

```
...
```

```
34.00 0.23360 0.23810 0.23990 0.23950 0.23860
```

```
35.00 0.22290 0.22710 0.22870 0.22820 0.22740
```

```
// depth cm    tan = radius/distance
```

```
0.1000 0.1200 0.1400 0.1600 0.1800
```

```
1.65 1.05310 1.05680 1.06180 1.06400 1.06200
```

```
2.00 1.04580 1.04910 1.05280 1.05620 1.05400
```

```
2.50 1.02760 1.03030 1.03330 1.03720 1.03700
```

```
...
```

```
34.00 0.23360 0.23810 0.23990 0.23950 0.23860
```

```
35.00 0.22290 0.22710 0.22870 0.22820 0.22740
```

```
// depth cm    tan = radius/distance
```

```
0.1000 0.1200 0.1400 0.1600 0.1800
```

```
1.65 1.05310 1.05680 1.06180 1.06400 1.06200
```

```
2.00 1.04580 1.04910 1.05280 1.05620 1.05400
```

```
2.50 1.02760 1.03030 1.03330 1.03720 1.03700
```

```
...
```

```
33.00 0.21530 0.19790 0.16270 0.05830 0.03100
```

```
34.00 0.20370 0.18790 0.15470 0.05550 0.02970
```

```
35.00 0.19400 0.17770 0.14680 0.05320 0.02860
```

Fichier du profil dans l'air

Ce fichier contient le profil mesuré dans l'air. Généralement, une chambre d'ionisation est coiffée d'un capuchon d'équilibre électronique et la dose est mesurée sur la diagonale de la

taille de champ la plus grande. La moyenne des diagonales sera calculée, avec les données démarrant à l'axe central et se déplaçant vers le coin du champ. La distance hors-axe est déterminée en termes de tangente du rayon par rapport à l'axe central.

Exemple de nom de fichier : InAirOCR06

Exemple de fichier :

```
/* file type : 8 = In Air OCR */ 8
/* file format version: */ 1
/* machine directory name: */ SL20
/* energy = */ 6
/* date of data: */ <*25-AUG-1996 11:22:24*>
/* Number of data pairs: */ 33

// Must be in increasing order, starting with central axis
// Tangent  OCR
0.00000  1.00000
0.00980  1.00750
0.01960  1.01730
0.02930  1.02390
0.03910  1.02580
...
0.26400  0.07470
0.27370  0.04780
0.28350  0.03930
0.29330  0.03270
0.30310  0.02770
0.31280  0.02270
```

Utilitaires de conversion

Des programmes ont été écrits pour convertir les données issues des différents systèmes d'acquisition de données du faisceau dans un format compatible avec « Dosimetry Check » (et RtDosePlan pour les mêmes fichiers de données). Ils ne sont pas documentés ici. Cependant, il semble que le format change avec la version du logiciel du système spécifique, et il n'existe pas de norme commune. Récemment, ces systèmes sont capables d'écrire des fichiers compatibles avec Microsoft Excel, ce qui fournit un format d'entrée commun. Nous allons décrire trois programmes qu'il est possible d'utiliser pour lire les données dans notre format de données de faisceau :

ConvertMSExcelpdd : pour la lecture des rendements en profondeur dans l'eau.

ConvertMSEExcelDiag : pour la lecture de profils diagonaux dans l'eau.

ConvertInAir : pour la lecture du profil diagonal dans l'air.

Cependant, aucun de ces programmes ne lit directement le fichier Microsoft Excel. Vous devez plutôt enregistrer la feuille Excel en format texte et lire le fichier texte résultant. Les trois programmes sont des programmes ASCII qui doivent être lancés dans une fenêtre de commande. Lancer le programme depuis le répertoire principal d'installation de DosimetryCheck, généralement sous Windows, il s'agit de c:\mathresolutions. C:\mathresolutions contient tous les fichiers dll requis par les programmes de Microsoft. Une alternative consiste à ajouter le chemin c:\mathresolutions à la liste de chemins de recherche système afin d'intégrer c:\mathresolutions lors de la recherche des fichiers dll pendant le lancement des programmes. Sous Linux, ce n'est pas un problème. Les programmes sont stockés dans le sous-répertoire « tools.dir ». Pour lancer le programme, saisissez :

```
tools.dir\ ConvertMSEExcelPDD.exe <Chemin du fichier texte de données>
```

où le second argument est le chemin du fichier d'entrée à lire. Si vous ne saisissez pas de second argument, le programme vous invitera à saisir ultérieurement un chemin dans un fichier. Sous Linux, il s'agit de tools.dir/ConvertMSEExcelPDD, etc.

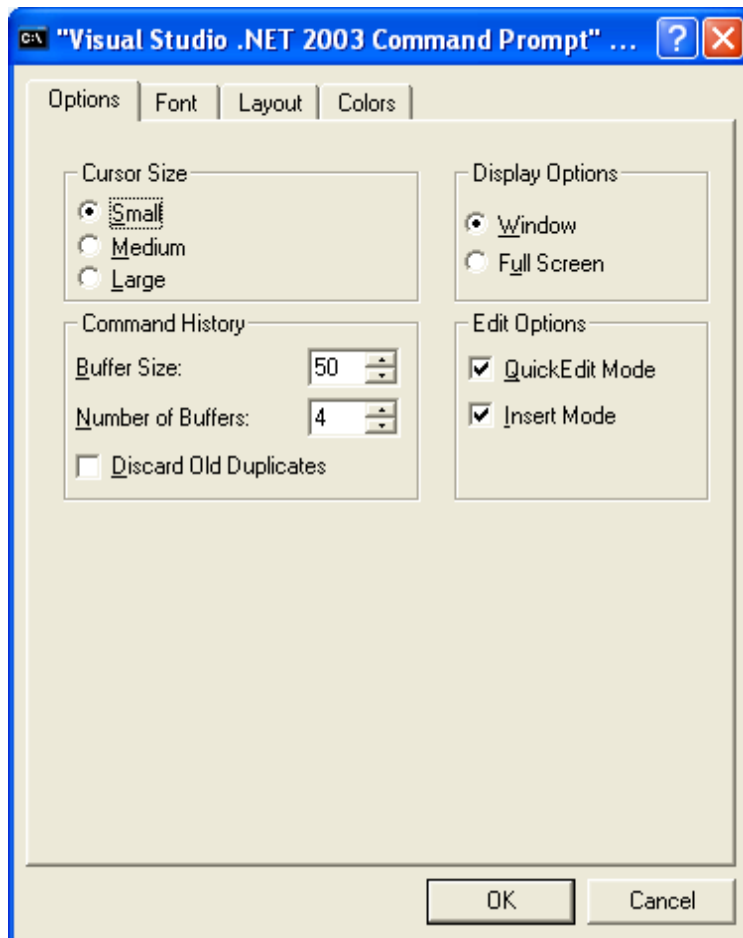
Dès le lancement des programmes, vous serez invité à sélectionner l'accélérateur dans la liste du répertoire de données de faisceau ainsi que la liste d'énergies. De ce fait, vous aurez dû créer auparavant un répertoire et dans ce répertoire, un fichier « Geometry » de géométrie de la machine ainsi qu'un fichier « Photons » des énergies de photons de l'appareil. Pour chaque énergie énumérée dans Photons, vous devez créer un répertoire : X06 pour 6x, X18 pour 18x, par exemple.

Souris Windows dans la fenêtre de commande

Sous Windows, vous pouvez éviter de taper en cliquant sur la barre des titres de la fenêtre de commande et sélectionner Propriétés :



Ensuite, dans la fenêtre contextuelle Propriétés, sélectionnez le mode Édition rapide



Ceci vous permet de surligner le texte avec le bouton gauche de la souris. Un seul clic sur le bouton droit de la souris copie le texte et un nouveau clic droit dépose ce texte dans une fenêtre de commande. La combinaison de touches « Contrôle » + « V » permet de déposer le texte dans une fenêtre Windows, comme Word ou Excel. N'oubliez pas non plus que la flèche vers le haut permet de rappeler les précédentes commandes que vous avez saisies.

Souris Linux dans la fenêtre de commande X terminal

Sous Linux et Unix, vous n'avez qu'à surligner le texte avec le bouton gauche de la souris. Le bouton du milieu dépose le texte ailleurs. N'oubliez pas non plus que la flèche vers le haut permet de rappeler les précédentes commandes que vous avez saisies.

Conversion des fichiers de Rendement en profondeur

Nous partons du principe que les balayages sont effectués à une SSD de 100 cm.

Le fichier doit être édité afin d'être au format suivant. Ceci se fait sous Excel puis en enregistrant le fichier au format texte ou en éditant le fichier texte directement. Comme cela est indiqué ci-dessous, le mot « *Depth* » (profondeur) figure à la première ligne :

Depth (cm) 2 X 2 cm 3 x 3 cm 4 X 4 cm 5 X 5 cm 6 X 6 cm 7 X 7 cm

Il ne peut pas y avoir de lignes de données au-dessus de la ligne avec le mot « *Depth* ». Le programme lit les lignes jusqu'à ce qu'il trouve le mot « *Depth* » et il part du principe que cette ligne est le début de la table de rendement en profondeur. À côté de « *Depth* », des cm ou mm sont mentionnés, ce qui indique que la colonne sous le titre est en cm ou mm.

Les tailles de champ sont énumérées sur le reste de la ligne. Il doit y avoir un « x » ou un « X » entre chaque dimension de la taille de champ. La taille de champ doit être en centimètres. Les autres parties de texte dans la ligne sont ignorées. Donc les valeurs en cm suivant dans l'exemple ci-dessus sont ignorées. Le programme recherche les chiffres et il s'attend à deux chiffres pour chaque colonne de données. Cette ligne logique peut occuper plusieurs lignes physiques dans votre éditeur de texte, mais elle s'arrête à un retour chariot (« une nouvelle ligne logique »). La totalité de la table peut être contenue en une seule unité, avec des lignes trop longues pour votre éditeur de texte pour apparaître sous forme d'une seule ligne physique, les lignes se prolongent tant qu'il n'y a pas un retour chariot dans une ligne de données.

Les données de rendement en profondeur suivent immédiatement à la ligne suivante (pas de ligne vierge entre les deux). Il n'est pas nécessaire que les données soient parfaitement alignées dans des colonnes. Ce qui compte, est que chaque ligne contienne la profondeur dans le premier champ et un rendement pour chaque taille de champ dans la ligne au-dessus. La manière dont les données sont normalisées importe peu, car elles seront renormalisées à 100 à la profondeur de d_{max} lors de l'impression. Dans l'exemple ci-dessous, nous voyons des profondeurs de 0,0 cm, 0,1 cm et 0,2 cm. Puisqu'il y a six champs, il doit y avoir des données pour les six tailles de champ.

```
0.0 47.87 50.98 49.71 52.58 54.41 55.71
0.1 53.77 56.99 55.78 59.25 61.28 61.97
0.2 60.53 63.6 64.21 67.75 69.65 70.08
```

La dernière profondeur doit être suivie par la fin du fichier ou une ligne vierge.

Après la ligne vierge, vous pouvez poursuivre la table avec plus de tailles de champ si les données ne sont pas sous forme d'une table unique, par exemple :

```
8x8 10x10 15x15 20 x 20 30X30 40x40
```

Les données doivent suivre de la manière indiquée ci-dessus, en commençant par la valeur de profondeur. La liste des profondeurs doit correspondre aux profondeurs de la première partie du tableau.

Le programme vous invitera à saisir la valeur de dmax nominale en cm.

Le programme écrira un fichier CA pour chaque taille de champ, puis le fichier de liste CAFileListw00_06, qui énumère les fichiers CA à utiliser et le fichier Dmax06 (les noms ici sont pour les photons 6x).

Conversion des données du profil diagonal dans l'eau

Le programme ConvertMSEExcelDiag convertit les données des profils diagonaux dans l'eau dans notre format. Une fois de plus, le programme est exécuté dans une fenêtre de commande et le premier argument est le chemin vers le fichier texte à lire. Les données peuvent être organisées sous forme d'un seul bloc de données ou dans des colonnes de profil distinctes pour chaque profondeur. Les données peuvent être des demi-profils commençant à l'axe central ou des profils diagonaux complets allant d'un coin à l'autre. Il peut y avoir un profil pour chaque diagonale. Nous partons du principe que les profils ont été réalisés à une DSP de 100 cm et qu'ils sont pour la diagonale de la plus grande taille de champ. Ce programme écrira le fichier DiagFanLine40.0_w00_06 (en partant du principe que 40 est la taille de champ maximale dans cet exemple). La taille de champ maximale est spécifiée dans le fichier « Geometry ».

Après vous avoir invité à sélectionner le répertoire de la machine et de l'énergie, le programme vous demande de saisir l'organisation des données :

Enter:

1 if file format is one scan at a time

OR

2 if in a table in columns:

Ensuite, le programme vous demande comment la distance de l'axe central est spécifiée :

Enter:

1 if offset data is in terms of the tangent

2 if data is distance in cm from the c.a. (at 100 cm)

3 if data is distance in mm from the c.a. (at 100 cm)

Un profil à la fois

Dans cette organisation, les données sont sous forme de colonne avec une colonne par profondeur. Exemple :

Depth = 1.5cm

0.255 31.45
 0.250 54.67
 0.245 96.50
 0.240 101.21
 0.235 102.60
 0.230 103.85
 0.225 104.30

...

0.015 100.90
 0.010 100.50
 0.005 100.20
 0.000 100

Depth = 5cm

0.255 32.39
 0.250 55.5905
 0.245 89.05797

Chaque profil doit commencer par la ligne « *Depth =* » (Profondeur), suivie de la profondeur en cm ou mm, avec cm ou mm présent.

Ensuite, la distance radiale est indiquée, soit en valeur tangentielle ou en mm ou cm. Puis la valeur correspondante. Une ligne vierge sépare les profils.

Tableau en colonnes

Dans cette organisation, les données peuvent être agencées sous forme de tableau de profils. Exemple de données :

Depth mm

6

	15	50	100	200	250	300
-188	1.63	2.07	3.54	6.83	8.75	11.6
-187	1.62	2.28	3.54	7.24	9.27	11.53
-186	1.63	2.28	3.68	7.24	9.28	11.89
-185	1.72	2.28	3.68	7.46	9.56	12.24

```

-184 1.72 2.39 3.81 7.69 9.85 12.6
-183 1.82 2.39 3.81 7.68 10.12 12.96
-182 1.82 2.5 3.94 7.9 10.13 13.33
...
187 1.64 2.19 3.42 6.63 8.78 10.88
188 1.64 2.19 3.44 6.66 8.24 10.19

99999

```

```

15 50 100 200 250 300
-200 1.14 1.19 1.75 4.16 5.61 6.85
-199 1.14 1.19 2.02 4.16 5.61 6.85
-198 1.14 1.29 2.02 4.16 5.61 6.85
...
198 1.64 2.29 3.68 7.31 9.35 11.66
199 1.64 2.29 3.68 7.3 9.35 11.66
200 1.64 2.07 3.4 6.86 9.35 10.91

```

Il doit y avoir une ligne avec la profondeur (*Depth*) en mm ou cm. La ligne suivante indique le nombre de profils dans le tableau. La ligne suivante sera la liste des profondeurs en mm ou cm désignées à la ligne précédente.

Ensuite, les données sont indiquées. Dans l'exemple ci-dessus, la distance est en mm, suivi d'une valeur pour chaque profil. La liste se termine par une ligne vierge. Le chiffre 99999 peut ensuite être présent pour signaler que l'autre diagonale va suivre, ou sinon le fichier se termine.

Conversion des profils diagonaux dans l'air

Lancer le programme « *ConvertInAir* » pour lire le profil diagonal dans l'air. Ce profil peut être mesuré à n'importe quelle distance. Après avoir sélectionné la machine et l'énergie auxquelles les données se rapportent, vous serez invité à indiquer le dénominateur de distance radiale qui convertira les données en tangentes :

Enter value to divide first column by to get tangent.

(distance of measurement, typically 100 cm. If in mm then 1000) :

Il s'agit du nombre qui, lorsqu'il est divisé par le premier nombre de chaque paire de données, donnera la tangente. Par exemple, si les données ont été obtenues à 100 cm de la

source et que l'unité est le cm, vous saisissez 100. En mm, vous saisissez 1000. En mm, si la mesure est faite à 90 cm, vous saisissez 900.

Un exemple de données d'entrée est fourni ci-dessous. Les données peuvent être dans n'importe quel ordre et un second profil peut suivre après une ligne vierge. Cependant, pour chaque profil, il doit y avoir un point 0,0 (à l'axe central).

-15,00 0,009

-14,00 0,014

-13,75 0,016

-13,50 0,050

-13,25 0,021

...

-2.00 0.464

-1.00 0.462

0.00 0.462

1.00 0.463

2.00 0.466

...

13.75 0.014

14.00 0.012

15.00 0.009

-15,00 0,009

-14,00 0,014

-13,75 0,016

-13,50 0,050

-13,25 0,021

...

14.00 0.012

15.00 0.009

Ce programme écrira le fichier InAirOCR06.

Autres fichiers

Les autres fichiers que vous devrez écrire sont le fichier d'étalonnage « Calibration06 » et le fichier de débit de dose « OutPut_w00_06 » (noms indiqués ici pour les photons de 6MV). Vous pouvez les copier dans d'autres machines et modifier les fichiers.

Une fois cela terminé

Lancer le programme « tools.dir\GenerateBeamParameters »

Fichier de rapport des données de l'axe central

Ce fichier est écrit par le programme ComputePolyCAFiles et il contient le rapport de comparaison entre les données d'axe central calculées à l'aide du noyau de faisceau étroit et les données utilisées pour créer le noyau étroit, c'est-à-dire les fichiers de données d'axe central et le fichier de sortie de machine. Ce fichier est un fichier ASCII qui peut être imprimé. Les deux rendements en profondeur sont comparés et le débit de dose est exprimé en cGy/mu. Un écart type est calculé à la fin de l'impression. L'écart type est uniquement calculé pour les profondeurs de dmax et plus.

Exemple de nom de fichier : Careport06.txt

Exemple de comparaison d'une taille de champ :

Comparison to measured data for field size 15.00 by 15.00 cm

	% depth dose	dose rate					
Depth	Measured	Calculated	Difference	Measured	Calculated	Diff	
0.00	49.55	49.66	0.11	0.4945	0.4956	0.0011	
0.50	70.33	71.64	1.31	0.7019	0.7149	0.0130	
1.00	96.18	96.23	0.05	0.9599	0.9604	0.0005	
1.50	100.18	100.11	-0.07	0.9998	0.9991	-0.0007	
1.60	100.00	100.00	0.00	0.9980	0.9980	0.0000	
2.00	99.30	99.25	-0.05	0.9910	0.9905	-0.0005	
3.00	95.29	95.46	0.17	0.9510	0.9527	0.0017	
4.00	91.77	91.94	0.17	0.9159	0.9175	0.0017	
5.00	88.17	88.04	-0.13	0.8799	0.8786	-0.0013	

Exemple de résumé à la fin du fichier :

SL20 6 MeV

Standard Deviation Summary (beyond depth of 1.60 cm):

field size	% depth dose	dose rate
3.00 by 3.00	0.140	0.00125
4.00 by 4.00	0.081	0.00074
5.00 by 5.00	0.217	0.00200
6.00 by 6.00	0.161	0.00150
8.00 by 8.00	0.163	0.00155

10.00 by 10.00	0.140	0.00136
12.00 by 12.00	0.103	0.00101
15.00 by 15.00	0.074	0.00074
20.00 by 20.00	0.088	0.00090
25.00 by 25.00	0.066	0.00069
30.00 by 30.00	0.086	0.00090
35.00 by 35.00	0.137	0.00144
40.00 by 40.00	0.092	0.00097

SECTION 8: FICHIERS, UTILITAIRES DE TEST

Fichiers de la bibliothèque partagée

Sous Linux, ce programme utilise le fichier de bibliothèque de radiothérapie librtgen.so. Ce fichier doit être déplacé ou copié dans le répertoire /usr/lib ou /usr/lib32. Sous Windows, les programmes sont compilés en un seul exécutable sans bibliothèque partagée ni dynamique.

Fichier ressource XWindows

Le fichier ressource X est « DosimetryCheckRes » et il doit être placé dans le répertoire racine ou dans /usr/lib/X11/app-defaults. Le fichier de ressource de la dose des champs « FieldDoseRes » et les fichiers de ressource « System2100Res » sont également nécessaires. Si les fichiers de ressource sont les seuls dans le répertoire racine, alors l'utilisateur doit se connecter à ce répertoire afin que le programme trouve les fichiers de ressource. Il s'agit d'une fonction XWindows et le gestionnaire XWindows ne génère aucun message d'erreur si un fichier de ressource n'est pas trouvé. Si le programme ne trouve pas les fichiers de ressource XWindows, il affichera les noms des *Widgets* de base à la place des libellés des boutons et les informations de dimensionnement seront manquantes. Aucune barre d'outils n'apparaîtra.

Les fichiers exécutables

Le fichier exécutable d'entrée est « DosimetryCheckTasks » et il est possible de le lancer depuis le clavier ou le bureau. Le programme utilise le système de fichier de ressources du programme System2100 et il recherche le fichier « rlresources.dir.loc » afin de trouver le répertoire de ressource du programme. Il est possible de lancer d'autres utilitaires depuis DosimetryCheckTasks.

Le programme « ReadDicomCheck » est fourni pour lire les plans exportés sous Dicom RT.

Le programme « ReadRtogCheck » est fourni pour lire les plans de traitement rédigés dans le format RTOG. Le protocole RTOG est devenu obsolète. Il s'agit d'un programme ASCII et il est lancé avec le suffixe -d suivi du répertoire où se trouvent les fichiers RTOG. Par exemple: ReadRtogCheck -d rtog.dir. Ce programme est décrit dans une section distincte de ce manuel.

Autres fichiers de données

Les fichiers de données sont stockés dans le répertoire dont le chemin est défini dans le fichier « DataDir.loc » qui se trouve dans le répertoire de ressources du programme (voir la documentation de Sysem2100). Les sous-répertoires utilisés sont :

1. CalDCur.d pour stocker les courbes d'étalonnage.
2. CalFieldDose.d pour stocker les fichiers d'étalonnage de chambre d'ionisation et de diode.
3. DenCur.d pour stocker les courbes de conversion de pixel en densité.

4. StSp.d pour stocker les fichiers de bandes d'étalonnage.

Fichiers dans le répertoire de ressources

Les fichiers d'intérêt dans le répertoire de ressources du programme sont :

1. BeamData.loc qui indique l'emplacement de stockage des données de faisceau.
2. DataDir.loc, qui spécifie l'emplacement des données du répertoire susmentionné.
3. DefaultBeamColor qui définit les couleurs par défaut utilisées pour afficher les faisceaux.
4. DoseDisplay définit les paramètres par défaut d'affichage des courbes 2D d'isodose et de nuages de dose 3D.
5. Kernels.loc spécifie où les noyaux calculés selon la méthode de Monte Carlo sont stockés.
6. TenPercentIsodose spécifie les valeurs par défaut de certains affichages d'isodose.

Utilitaires de test

Plusieurs utilitaires sont proposés pour les tests.

Le programme ComputePolyCAFiles calcule la dose pour les points de l'axe central utilisés afin de générer le noyau étroit. Un fichier de rapport est rédigé et stocké dans le répertoire de données relatives au faisceau, selon l'énergie sélectionnée (voir *Beam Data Files*).

Le programme CreateSquareCTScan génère un scan CT simulé sous la forme d'un fantôme carré. Les régions d'inhomogénéité carrées ou circulaires peuvent être créées dans le carré principal de densité d'eau. Le résultat peut être utilisé pour créer un jeu d'images empilées à des fins de test.

Le programme « GenerateFieldDoseImage » simulera un champ de rayons X mesuré en le calculant à partir d'un modèle de faisceau. Les champs rectangulaires et asymétriques peuvent être générés. Les caches peuvent également être simulés. Le format de fichier de bloc lisible par le programme GenerateFieldDoseImage est spécifié dans ce fichier d'exemple :

80.0 .039 5

0.80 3.20

-0.80 3.20

-0.80 -3.20

0.80 -3.20

0.80 3.20

Le premier nombre est la distance de définition du contour du cache. Puis apparaît la transmission dans le cache. Ensuite le nombre de points de contour du bloc. Ceci est suivi du nombre requis de paires de données, les coordonnées x,y en cm, où l'origine est au niveau de l'axe central. Ce fichier n'est pas conforme à notre norme de fichiers ASCII, les commentaires ne sont donc pas supportés.

SECTION 9: TELECHARGEMENT RTOG

Téléchargement à partir du système de planification

Télécharger le plan du système de planification afin d'inclure les positions de faisceau, les scans CT, les régions d'intérêt délimitées dont la limite du corps est la matrice de doses 3D. Si vous n'obtenez pas les positions du faisceau, vous devrez situer manuellement l'isocentre et les angles de chaque faisceau. S'il n'existe pas de limite de la peau, vous devrez en créer une. Veuillez remarquer que le RTOG n'inclut pas de conversion des nombre CT en densité. Dosimetry Check peut être utilisé avec ce programme afin d'afficher les plans d'autres systèmes.

Programme ReadRtogCheck

Le programme « ReadRtogCheck » est fourni pour lire les plans de traitement rédigés dans le format RTOG. Il s'agit d'un programme ASCII (lancé dans une fenêtre winterm ou xterm avec une interface et des commandes clavier, sous Windows dans une fenêtre de commande) il est lancé avec la balise -d suivi du répertoire où les fichiers RTOG se trouvent pour ce patient spécifique. Par exemple :

```
ReadRtogCheck -d rtog.dir
```

Où rtog.dir est le répertoire où se trouvent les fichiers. Il faut spécifier le chemin vers ce répertoire s'il ne s'agit pas d'un sous-répertoire du répertoire où vous vous trouvez. Pour Windows, changer le répertoire actuel pour c:\mathresolutions (la commande cd permet de changer de répertoires sous Windows et unix).

Ce programme a été créé à partir de « read_x_tape » fourni par le centre RTOG afin de créer une routine permettant de lire les fichiers dans le format RTOG, si vous connaissez ces modèles. Ce programme modèle lance des appels afin d'écrire des informations que nous avons fournies pour créer un patient et une entrée de plan pour Dosimetry Check. La nature du programme en tant que programme ASCII a été maintenue, mais nous n'avons pas conservé l'écriture dans un fichier journal de tous les messages générés à l'écran. En cas d'erreur, noter soigneusement le message d'erreur écrit et figurant à l'écran. Certaines erreurs signalées n'affectent pas la lecture du plan.

Avant tout, le programme énumère le contenu du répertoire (nous avons ajouté cette fonction) indiqué dans la ligne de commande avec la balise -d. Vous devez spécifier les caractères qui forment la racine des noms de votre fichier. Généralement, les noms de fichier sont « aapm0000 », « aapm0001 », etc.. Les fichiers 0000 contiennent une liste et des spécifications pour les autres fichiers. Il suffit d'appuyer sur la touche entrée pour inscrire « aapm » par défaut (autre fonction que nous avons ajoutée). Ensuite, vous pouvez spécifier

n'importe quel suffixe, le cas échéant, après les chiffres utilisés dans les noms de fichier. La valeur par défaut est aucun, il suffit d'appuyer sur la touche entrée pour ne rien mettre. Appuyer de nouveau sur la touche entrée pour sélectionner le nombre de chiffres par défaut après le nom racine, ou de saisir un chiffre s'il est différent de quatre.

Patient et Plans

Tous les plans de Dosimetry Check sont écrits dans le répertoire d'un patient spécifique. Le répertoire actuel du patient est ensuite indiqué à l'écran pour des raisons pratiques. Vous serez invité à sélectionner un répertoire de patient existant ou à créer un nouveau répertoire de patient. Sélectionner un répertoire de patient existant, si vous avez déjà créé un répertoire pour ce patient. Sinon créer un nouveau répertoire. Lors de la création d'un nouveau patient, vous pouvez spécifier le nom du patient ou laisser le programme indiquer ce nom d'après le contenu du fichier RTOG. Il convient de remarquer que le programme est limité à un téléchargement d'un seul dossier de patient par instance de programme.

Images CT

Normalement, vous devriez télécharger les images CT avec le plan. Le programme est limité au téléchargement d'un seul jeu d'images de ce type par instance du programme. Par définition, il doit être possible de compiler ces images. Le format RTOG spécifie cela. Le programme créera un nouveau répertoire sous le répertoire du patient afin d'héberger le jeu d'images. Ces images sont converties au format DICOM lors de leur enregistrement. Pour le moment, seules les images CT sont compatibles. Le format RTOG ne contient pas suffisamment d'informations pour les images IRM afin de permettre de positionner les images par rapport à un système de coordonnées du patient, une exigence de DICOM. Avec les images IRM, un patient sur le ventre, sur le dos avec les pieds ou la tête en premier n'est pas spécifié. Pour les images CT, nous partons du principe que le patient est sur le dos, tête première, si ces informations sont manquantes. Dès la lecture et l'affichage des images, il est important de vérifier que les étiquettes d'orientation ; droite, gauche, antérieure, postérieure, supérieure et inférieure sont correctes.

Plans additionnels

Vous pouvez télécharger un autre plan ultérieurement, sans inclure les images. Si vous ne téléchargez pas de jeu d'images, vous serez invité à choisir un jeu d'images empilées existant. Généralement, vous devriez télécharger les images CT avec les données de position de faisceau, les régions d'intérêt délimitées et une matrice de dose 3D. Les plans sont également stockés dans le répertoire du patient et ils sont associés à un jeu d'images empilées spécifique.

Les Faisceaux

Pour chaque faisceau rencontré, vous serez invité à sélectionner la machine sur laquelle il se trouve. Le format RTOG ne va pas inclure le nom du répertoire attribué à chaque machine de traitement. Une fois que vous avez sélectionné la machine pour le premier faisceau, vous pouvez attribuer par défaut les autres faisceaux à la même machine.

Les Limitations

Des limites existent. Le format RTOG est limité aux images transverses uniquement. Et les régions d'intérêt délimitées sont limitées à des contours coplanaires au plan d'images transverse.

Le format RTOG ne dispose pas de fonction permettant de spécifier la conversion des nombres CT en densité. Vous devrez créer une courbe pour cela. Cette fonction se trouve également dans la barre d'outils « *Options* » dans le menu déroulant « *Stacked Image Sets* » (Jeux d'images empilées) et elle est décrite dans la section « *Primary Stacked Image Set* » (jeu principal d'images empilées) de ce manuel. Si vous parvenez à télécharger les images CT avec les valeurs de pixel converties en une échelle linéaire par rapport à la densité, vous devrez spécifier une valeur de conversion de pixel de manière à obtenir des valeurs de densité correctes.

Délimitation de la peau

Si vous avez téléchargé une délimitation de la peau, par la suite, vous pourrez spécifier que ce volume représente la limite de la peau. La sélection se fait après avoir exécuté Dosimetry Check, dans la barre d'outils « *Options* » du menu déroulant « *Stacked Image Sets* ». Sinon, vous devrez utiliser les outils de contourage pour produire une délimitation de peau. Veuillez remarquer qu'il existe une fonction automatique à cet effet.

Exemple d'exécution

Un exemple d'exécution de ReadRtogCheck figure ci-dessous. Les fichiers RTOG de cet exemple se trouvent dans un répertoire et dans un sous-répertoire adac.d d'où ReadRtogCheck est exécuté. Ci-dessous, « ... » indique où nous avons sorti le rapport des fichiers écrits. Nous voulons montrer le dialogue entre l'utilisateur et le programme. Nous avons également inséré des commentaires dans une police différente de celle du journal.

```
$/ReadRtogCheck -d ../adac.d
```

```
ReadRtogCheck, Version 1 Release 2
```

```
Depth for motif interface = 24 planes.
```

```
Made new color map for Motif.
```

Can't create overlay visual of depth 8 for Motif popup interface.

For drawing areas, use Open GL and X

For images depth = 24 planes, for 3d displays depth = 24 planes.

Directory of ..\adac.d :

Volume in drive C has no label.

Volume Serial Number is 403E-53C4

Directory of c:\home\adac.d

```
[.]  [..]  foredose  foredose.gif  RTOG0000
RTOG0001  RTOG0002  RTOG0003  RTOG0004  RTOG0005
RTOG0006  RTOG0007  RTOG0008  RTOG0009  RTOG0010
RTOG0011  RTOG0012  RTOG0013  RTOG0014  RTOG0015
RTOG0016  RTOG0017  RTOG0018  RTOG0019  RTOG0020
RTOG0021  RTOG0022  RTOG0023  RTOG0024  RTOG0025
RTOG0026  RTOG0027  RTOG0028  RTOG0029  RTOG0030
RTOG0031  RTOG0032  RTOG0033  RTOG0034  RTOG0035
RTOG0036  RTOG0037  RTOG0038  RTOG0039  RTOG0040
RTOG0041  RTOG0042  RTOG0043  RTOG0044  RTOG0045
RTOG0046  RTOG0047  RTOG0048  RTOG0049  RTOG0050
RTOG0051  RTOG0052  RTOG0053  RTOG0054  RTOG0055
RTOG0056  RTOG0057  RTOG0058  RTOG0059  RTOG0060
RTOG0061  RTOG0062  RTOG0063  RTOG0064  RTOG0065
RTOG0066  RTOG0067  RTOG0068  RTOG0069  RTOG0070
RTOG0071  RTOG0072  RTOG0073  RTOG0074  RTOG0075
RTOG0076  RTOG0077
      80 File(s)  24,088,152 bytes
      2 Dir(s)  32,553,619,456 bytes free
```

Veillez remarquer dans le précédant que le contenu du répertoire est énuméré. Si vous ne voyez pas de fichier, le chemin a été incorrectement spécifié après la balise -d. Ci-dessous, l'utilisateur a été invité à saisir le préfixe pour les fichiers, ce qui est généralement « RTOG », comme dans l'exemple ou « aapm ». Seuls les fichiers du format « RTOGnnnn » sont des fichiers RTOG dans cet exemple. La forme est généralement de quatre lettres suivies de quatre chiffres. 0000 est le fichier qui liste le reste des fichiers.

Enter prefix for file names to be read (usually 'aapm'):RTOG

prefix = RTOG

Enter postfix for file names to be read (usually "") :

of digits for file name #'s to be read (usually '4') :

of digits = 4

prefix = RTOG

Program : read_x_tape.c,v \$ - Version : 1.3 \$ - Date : 2000/01/19 17:2

52 \$

Started on : 01/26/2004 at : 15:53 PM by NO_USER_NAME

Source directory for processing

..\adac.d

Date of directory file creation : Thu Mar 20 16:41:12 2003

Patient Directory pat.d :

Is patient ADAC CASE a new patient? (1=Yes, 0=No) 1

Patient directory name = ADACCASE

Is this right? (1=Yes, 0=No)

1

patient directory = ADACCASE

Le programme de lecture a été téléchargé du centre RTOG et il peut indiquer quelques erreurs qui n'affectent pas la lecture du plan. Sélectionner simplement de poursuivre l'exécution du programme.

ERROR!: [CT IMAGE] Scan type entry missing

ERROR!: Parsing CT directory entries FILE : 1

Tape standard for this data set = 3.00

ERROR!: Initializing the tape directory structure

Continue (1=Yes, 0=No) : 1

Processing CTSCAN file (1)

wrote file pat.d\ADACCASE\SIS.d\CT_26-Jan-2004\CT_001

Processing CTSCAN file (2)

wrote file pat.d\ADACCASE\SIS.d\CT_26-Jan-2004\CT_002

Processing CTSCAN file (3)

wrote file pat.d\ADACCASE\SIS.d\CT_26-Jan-2004\CT_003

Processing CTSCAN file (4)

wrote file pat.d\ADACCASE\SIS.d\CT_26-Jan-2004\CT_004

... Ici tous les scans CT sont lus.

Plan name is 0

Do you want to change this name? (Yes = 1, No = 0) 1

Ici vous pouvez changer le nom du plan écrit dans les fichiers RTOG. Veuillez remarquer que si vous sélectionnez « Oui », le programme affiche une liste des noms de plans actuels pour le patient. Si le nom du plan existe déjà, vous en serez informé et vous serez invité à saisir un nouveau nom. Si le nom du plan rencontré plus tard dans le fichier RTOG est différent de l'original, le programme s'arrêtera et permettra d'écrire dans deux plans différents au cours de la même instance de programme.

List of Plans in c:\home\pat2.d\ADACCASE\ckpn.d :

IMRT

Enter new plan name: testread

Plan name: testread

Le reste de l'instance utilisera le nouveau nom de plan saisi, mais l'exemple se poursuit en conservant le nom de plan original.

wrote file pat.d\ADACCASE\ckpn.d\0\PrimarySIS

wrote file pat.d\ADACCASE\ckpn.d\0\PlanType

Ensuite, le programme invite l'utilisateur à sélectionner l'accélérateur utilisé par le premier faisceau, car le nom d'accélérateur « Dosimetry Check » ne se trouvera pas dans le fichier RTOG.

For plan 0, select treatment machine

for beam number 0, LAO, energy= 6 MeV

1 GeneralAccel

2 SL20B

Select machine directory : 1

...

wrote file pat.d\ADACCASE\ckpn.d\0\b.d\RPO_03\IsocenterLoc

wrote file pat.d\ADACCASE\ckpn.d\0\b.d\RPO_03\Angles

beam RPO_03 is done.

Processing BEAMGEOM file (59)

Plan name : 0

Puis l'utilisateur choisit de continuer à associer le reste des faisceaux avec le premier choix effectué pour un accélérateur, pour le premier faisceau rencontré ci-dessus.

For plan 0,

for beam number 1, L Lat, energy= 6 MeV

- 1 Use machine GeneralAccel for this and all remaining beams.
- 2 Continue to choose the machine for each beam. For plan 0, 1

...

Processing BEAMGEOM file (61)

Plan name : 0

wrote file pat.d\ADACCASE\ckpn.d\0\b.d\L_Lat_ref_06\MachineName

wrote file pat.d\ADACCASE\ckpn.d\0\b.d\L_Lat_ref_06\BeamEnergy

wrote file pat.d\ADACCASE\ckpn.d\0\b.d\L_Lat_ref_06\BeamType

wrote file pat.d\ADACCASE\ckpn.d\0\b.d\L_Lat_ref_06\IsocenterLoc

wrote file pat.d\ADACCASE\ckpn.d\0\b.d\L_Lat_ref_06\Angles

beam L_Lat_ref_06 is done.

Processing DOSEDIST file (62)

3D dose matrix size is 47 horizontal by 59 vertical by 53 depth

Plan name: 0

wrote file: pat.d\ADACCASE\ckpn.d\0\Foreign3dDoseLattice

Processing DOSEVOLUMEHISTOGRAM file (63)

'save_dvh' not supported

Processing DOSEVOLUMEHISTOGRAM file (64)

'save_dvh' not supported

...

Nous n'utilisons pas les fichiers d'histogramme Dose Volume. Les histogrammes Dose Volume de la matrice de dose 3D importée sont recalculés et comparés à ceux des doses calculées par Dosimetry Check.

Processing DOSEVOLUMEHISTOGRAM file (77)

'save_dvh' not supported

Finished on : 01/26/2004 at : 16:00 PM

Finished on : 01/26/2004 at : 16:00 PM

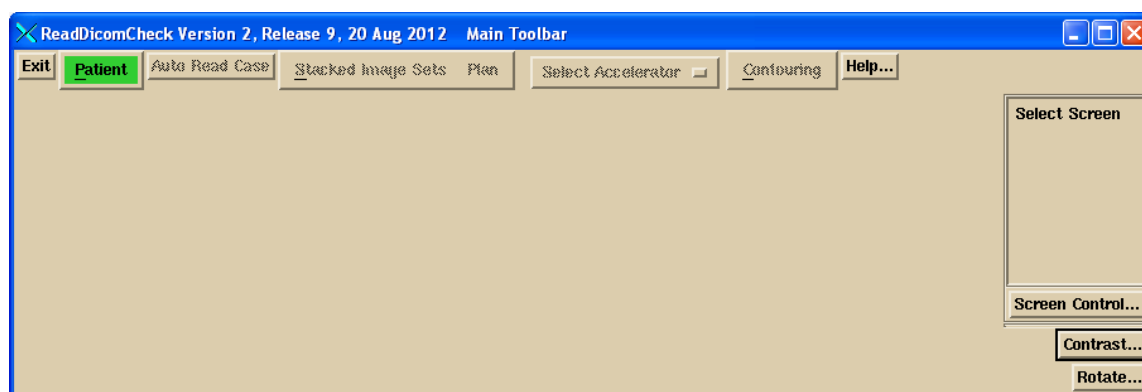
SECTION 10:

TELECHARGEMENT FORMAT DICOM RT

ReadDicomCheck

Lancer le programme ReadDicomCheck pour importer les plans du Dicom RT dans les formats Dosimetry Check et MarkRT. Ce programme se trouve dans DosimetryCheckTasks ou MarkRtTasks ou il est possible de le lancer depuis le répertoire actuel en saisissant : « ReadDicomCheck » dans une fenêtre de commande.

Une capture d'écran de la fenêtre principale de ce programme est fournie ci-dessous :



Ce programme lit les fichiers Dicom RT, les écrit dans le répertoire du patient et planifie leur lecture par le programme Dosimetry Check. Le système de planification doit enregistrer la planification dans les fichiers Dicom RT qui sont ensuite lus. Il suffit de se déplacer dans le répertoire où les fichiers sont stockés ou de les copier dans un répertoire plus pratique. Par défaut, la boîte de sélection de fichiers commence par le répertoire où elle s'attend à trouver les fichiers d'image définis dans le fichier « NewDicomRTDirectory.loc » dans le répertoire des ressources du programme, ou, si ce fichier n'existe pas, dans le fichier « NewImagesDirectory.loc ». Les scans CT se trouveront chacun dans un fichier distinct. Nous partons du principe que les structures délimitées des régions d'intérêt, le plan, la matrice de dose 3D se trouvent dans des fichiers différents. Ces fichiers peuvent ou non commencer par des préfixes pratiques comme le fichier de structure commençant par les lettres RS, la géométrie de faisceau dans un fichier commençant par les lettres RP et la matrice de dose 3D dans un fichier commençant par les lettres RD. Après la lecture des fichiers Dicom RT, lancer Dosimetry Check et sélectionner le répertoire du patient créé ici, puis le plan

créé ici. Les commentaires sur l'utilisation du programme ReadDicomCheck se trouvent ci-dessous.

Le Patient

Il convient avant tout de créer un patient ou de sélectionner un patient existant dans votre système actuel. Si vous ne connaissez pas le nom du patient, vous pouvez l'obtenir de n'importe quel fichier de scan CT à l'aide du programme « DicomDump » dans le répertoire « tools.dir ». Ce programme est un programme ASCII. Lancer le nom du programme suivi par le nom du fichier de scan CT à lire. Si vous le désirez vous pouvez appeler davantage de fonction, par exemple :

DicomDump file_name | more

Vous pouvez également accéder au programme depuis les tâches « DosimetryCheckTasks » ou « MarkRT ». Dans ce cas, vous trouverez une boîte de sélection de fichiers dans laquelle vous pouvez naviguer jusqu'au fichier et le sélectionner.

Rechercher l'attribut Dicom (10,10).

D'autres fonctions d'affichage Dicom se trouvent sur internet.

Créer le patient, s'il s'agit d'un nouveau patient ou sélectionner un patient existant. Il vous appartient de garantir que les images et le plan correspondent au bon patient et que le plan est pour le jeu d'images empilées sélectionné.

Auto Read Case (Lecture automatique d'un dossier)

Vous pouvez utiliser cette fonction pour lire un dossier. Naviguer jusqu'en haut de l'arborescence d'un répertoire qui contient tous les fichiers du dossier : Scans CT, fichier de structure, fichier de plan et fichier de dose. Il peut y avoir plusieurs patients et dossiers dans l'arborescence du répertoire. Le programme proposera la liste des couples patients-plans qu'il trouve afin d'en sélectionner un. Après la sélection du dossier, le programme fait le reste, mais vous devez valider le message lorsqu'il a terminé. Il est possible que vous ayez à sélectionner l'accélérateur, si le nom de la machine ne figure pas dans la liste des machines de Dosimetry Check ou MarkRT.

Cette fonction automatique est également compatible avec les IRM.

Si ces conditions ne sont pas réunies, vous pouvez sélectionner chaque élément de la manière décrite ci-dessous.

Mais cette fonction est limitée à une seule utilisation à la fois. Ensuite, vous devrez quitter le programme (bouton Exit [Quitter]), puis le relancer. La limitation est que seul un jeu d'images empilées peut être supporté par instance du programme. Cependant, vous pouvez sélectionner manuellement un second plan (puis une dose) afin de le lire pour le même jeu d'images empilées et le même patient (voir ci-dessous)

Si vous avez un second plan pour le même jeu d'images empilées, sélectionner le jeu d'images empilées et sélectionner le plan et le fichier de dose ci-dessous. Avec la fonction Auto Read Case, vous aurez un jeu d'images empilées en double. Cependant, si vos contours pour le second plan sont différents, un jeu d'images empilées peut être intéressant pour le plan. Chaque plan est associé à un jeu d'images empilées, mais un jeu d'images empilées peut être utilisé par plusieurs plans. Les contours de ROI appartiennent au jeu d'images empilées défini dans Dosimetry Check et MarkRT, pas le plan.

Stacked Image Set (Jeu d'images empilées)

Ensuite, vous devez sélectionner un jeu d'images empilées existant ou en lire un nouveau. Le plan à lire doit être destiné au jeu d'images empilées. Pour la création d'un jeu d'images empilées, utiliser le filtre dans la boîte de sélection de fichiers afin de lire uniquement les fichiers de scan, par exemple, en réglant le filtre sur CT*. Ensuite, sélectionner tous les fichiers à lire. Ce programme vous permet de sélectionner ou de lire un seul jeu d'images empilées. Quitter le programme si vous devez en lire un second. Ce jeu d'images empilées est le jeu d'images principal pour le plan qui fournit le contour externe du corps et la fonction de conversion du nombre CT en densité.

Conversion du nombre CT en densité

Il n'existe aucun mécanisme dans Dicom RT pour spécifier comment les nombres CT sont convertis en densité. De ce fait, vous devez fournir une conversion pour Dosimetry Check. Aller dans « *StackedImageSet* », puis « *Options* » et « *Density* » (Densité). Vous pouvez lire un scan de fantôme avec les inserts d'éléments biologiques (en créant un jeu d'images empilées à partir du scan) puis dessiner une courbe. Vous pouvez également saisir les nombres si vous disposez des valeurs. La densité de l'eau pour la plupart des scanners CT a une valeur de pixel de 1024 dans

Dosimetry Check. Dosimetry Check n'utilise pas les nombres de Hounsfield. Un nombre de Hounsfield de -1000 a une valeur de pixel de 24, 0 1024, et 1000 2024.

Regions of Interest [Régions d'intérêt] (ROI)

Après la lecture du jeu d'images empilées, il conviendra de lire les régions d'intérêt (ROI) délimitées. Il existe un mécanisme d'identification de la ROI qui se rapporte au contour externe du corps. Cependant, en cas d'échec ou d'inexistence, vous devrez sélectionner ou créer le contour externe du corps dans Dosimetry Check. Afin de créer un contour de corps, utiliser l'outil créé à cet effet dans « *Contouring* » (Contourage). Pour sélectionner un contour de corps existant, aller dans « *StackedImageSets* », puis « *Options* » et « *Skin* » (Peau). Il est conseillé de vérifier le choix par acquis de conscience. Une coche est prévue pour voir si la ROI provient du jeu d'images empilées sélectionné.

Généralement, le nom de fichier de structures de Dicom RT commence par les lettres RS.

Options

La barre d'outils Option de jeu d'images permet d'effectuer des sélections pour la courbe de nombre CT en densité et le volume de la ROI qui correspondra au contour du corps.

Plan

Une fois que vous disposez du jeu d'images empilées, vous pouvez le lire dans un plan. Ici, nous collectons uniquement les positions du faisceau (angles du bras, du collimateur et du lit ainsi que l'emplacement de l'isocentre) et la matrice de dose 3D. Sélectionner les faisceaux à lire dans le fichier de plan. Il faut d'abord lire les faisceaux, puis sélectionner la matrice de dose. Il est impossible de lire la matrice de dose sans avoir préalablement lu le fichier de faisceau au cours de la même session. Ceci est dû au fait que la fonction de matrice de dose a besoin d'informations sur le plan qui se trouvent dans le fichier de faisceau et qui ne sont pas fournies par le fichier de dose. Une coche indique que le fichier de dose est pour le fichier de faisceau sélectionné.

Généralement, le nom de fichier de faisceaux de Dicom RT commence par les lettres RP et le fichier de dose par les lettres RD.

Faisceaux

Si le nom de l'accélérateur n'existe pas dans le répertoire de la machine de traitement, vous serez invité à sélectionner l'accélérateur avec lequel les faisceaux doivent être utilisés. Ce choix s'applique à tous les faisceaux. Naturellement, la machine sélectionnée doit disposer de l'énergie nécessaire. Dicom RT spécifie les coordonnées de l'accélérateur en coordonnées IEC, qui est également le système de Dosimetry Check. Aucune conversion n'est donc nécessaire ici. Le fichier de géométrie dans chaque répertoire de la machine spécifie simplement comment les coordonnées sont présentées à l'utilisateur. Par exemple, pour un accélérateur non IEC, l'angle du bras sera converti du système IEC au système spécifié dans le fichier de géométrie, lorsqu'il est présenté à l'utilisateur. La modification du fichier de géométrie ne changera donc pas l'angle actuel d'un faisceau, uniquement l'angle signalé à l'utilisateur. Il est évident que ceci ne s'applique pas si l'utilisateur saisit un angle.

Si le nom de la machine lu dans le plan susmentionné ne se trouve pas dans la liste des machines de Dosimetry Check, vous serez invité à sélectionner un accélérateur. Vous aurez toujours la possibilité de choisir une autre machine par la suite. La liste des machines dans Dosimetry Check est la liste des noms de répertoires dans bd.d. Le menu Option affiche l'accélérateur sélectionné.

Contouring (Contourage)

Vous pouvez utiliser la barre d'outils *Contouring* pour réaliser les contours dont vous avez besoin.

Enregistrement des fichiers Dicom

Tous les fichiers importés sont enregistrés dans le sous-répertoire Imports.d dans le répertoire du patient.

Dosimetry Check

Après la lecture du plan, quitter le programme et lancer Dosimetry Check (ou MarkRT). Sélectionner le patient, le jeu d'images empilées, puis le plan. Pour chaque faisceau, vous devez lire un fichier de fluence (en RMU). Dosimetry Check affiche la dose dans la résolution sélectionnée dans « *Evaluate* » (Évaluer). Par exemple, si la valeur par défaut de Dosimetry Check est 0,5 cm, une matrice de cette résolution est générée pour tout plan sélectionné. Les doses sont interpolées de la matrice de dose 3D importée. Si la résolution de la matrice de dose 3D importée est de 0,1 cm et que la valeur par défaut est de 0,5 cm, les courbes d'isodose seront tracées sur une matrice de 0,5 cm. Une option affichant simplement la dose du système de planification de traitement est proposée sous « *Evaluate* » dans la barre d'outils « *Plan* ». Dosimetry Check peut donc être utilisé pour afficher les plans d'autres systèmes.

SECTION 18 : CONTRAT DE LICENCE

CONTRAT DE LICENCE POUR LES LOGICIELS

CE CONTRAT DE LICENCE (« Contrat ») est signé et prend effet à compter de la date indiquée ci-dessous par et entre MATH RESOLUTIONS, LLC, une société à responsabilité limitée du Maryland dont l'adresse postale actuelle de 5975 Lane Gales, Columbia, Maryland 21045 (la « Société »), et le Client identifié ci-dessous (le « Client ») (la Société et le Client ci-après collectivement dénommés les « Parties » et individuellement dénommés « Partie »). Par la présente, les Parties conviennent que les termes et conditions suivants s'appliquent à toute commande faite par le Client pour un logiciel personnalisé développé et distribué par la Société (le « Logiciel »).

1. ENGAGEMENTS DU CLIENT. Le Client s'engage à l'égard de tout Logiciel à accepter sans restriction ou condition toute responsabilité en termes de : (a) choix du Logiciel à atteindre les résultats escomptés du Client ; (b) installation et intégration du logiciel dans les installations du Client ; (c) utilisation correcte ou incorrecte du Logiciel par le Client ; et (d) tout résultat obtenu de cette utilisation. Le Client s'engage à contrôler et vérifier tous les résultats avant de les appliquer à n'importe quel patient. Le Client s'engage à lire, comprendre et se familiariser avec toute la documentation du Logiciel fournie par la Société et les articles publiés et rédigés par la Société ou d'autres comme cela est indiqué dans la documentation connexe qui décrit les fonctions des Logiciels ou des algorithmes et des méthodes utilisées par le Logiciel. Le Client est également responsable du choix et de l'utilisation de tout autre programme ou matériel de programmation ou services utilisés dans le cadre de tout Logiciel ainsi que des résultats qui en sont obtenus.

2. GARANTIES LIMITÉES. Chaque programme logiciel est garanti conforme à toutes les Spécifications du Programme et Conditions fournies par la Société au Client, lorsque le Logiciel est livré au Client et pour une période d'un (1) an par la suite, dans la mesure où le Logiciel est correctement utilisé pendant toute la durée de cette période. La Société ne garantit pas que les fonctions contenues dans un programme répondront à toutes les exigences prévues par le Client, sauf indications dans les Spécifications du Programme, ni qu'elles fonctionneront dans les combinaisons qui pourraient être choisies pour une utilisation par le Client, ou que le fonctionnement du programme se fera sans interruption ou sans erreur ou que tous les défauts de programmation seront corrigés. Si un programme n'est pas conforme aux Spécifications du Programme et qu'il est démontré que le problème est causé par un défaut dans le programme, la Société répondra à ces défauts dans la version actuelle inchangée du programme, en corrigeant ce défaut de toute autre manière qu'elle juge souhaitable ou en remplaçant le programme. Ces services seront limités à deux ans à compter de la date de livraison du programme au Client.

3. LIMITATION DE RESPONSABILITÉ. En aucun cas, la Société ne peut être tenue responsable de tout dommage, y compris, sans limitation, les dommages pour perte de profits, interruption d'affaires ou toute autre perte pécuniaire, découlant de l'utilisation ou de l'impossibilité d'utiliser le Logiciel ou toute partie de celui-ci. Le Client s'engage à indemniser et à dégager de toute responsabilité la Société contre toute réclamation découlant ou résultant de l'utilisation du Logiciel. L'entière responsabilité de la Société et le recours exclusif du Client seront limités au remboursement au Client du prix payé pour le Logiciel en question, dans la mesure où celui-ci est retourné à la Société dans les deux (2) ans après la date d'achat, à condition que la défaillance du logiciel ne soit pas due à un accident, un abus ou une mauvaise utilisation par le Client. LES GARANTIES CONTENUES DANS CE DOCUMENT REMPLACENT TOUTE AUTRE GARANTIE, EXPRESSE OU IMPLICITE, Y COMPRIS, MAIS

SANS S'Y LIMITER, LES GARANTIES IMPLICITES DE QUALITÉ MARCHANDE ET D'ADAPTATION À UN USAGE PARTICULIER.

4. INFORMATION CONFIDENTIELLE. Le Client reconnaît et s'engage à garder confidentielles et à restreindre l'accès au Logiciel, à la documentation et aux listes connexes, à toute autre information confidentielle et aux biens connexes et à ne pas les divulguer, sauf en toute confiance à son propre personnel et, en outre, le Client s'engage à ne pas de fournir ou rendre disponible de quelque manière que ce soit tout Logiciel ou toute documentation à toute personne autre que son propre personnel, sauf sur accord préalable et écrit d'un représentant dûment autorisé de la Société. Les obligations du client s'étendent à tous les employés, sous-traitants, agents et/ou représentants du Client et le Client s'engage à faire respecter le présent Contrat en portant ce Contrat à la connaissance de toutes les personnes qui ont accès à ces informations et en tenant tous ces salariés pour responsable vis-à-vis du Client et de la Société en cas de divulgation non autorisée, que le contrevenant reste ou non affilié au Client. Si l'une de ces personnes refuse d'accepter les termes du présent Accord, il appartiendra au Client de s'assurer que cette personne n'accède pas au Logiciel ni à toute documentation ou information fournie par la Société en vertu des présentes.

5. CESSION. Le présent Accord ne peut être cédé par le Client. Le Logiciel, aucune copie ou version du Logiciel (ou toute partie du Logiciel) ne pourra être proposé en sous-licence, cédé ou transféré par le Client sans l'accord écrit préalable de la Société. Toute tentative d'octroi en sous-licence, de cession ou de transfert des droits, devoirs ou obligations en vertu du présent Accord sera nulle et constituera une violation substantielle des présentes.

6. UTILISATION AUTORISÉE. En vertu de ce Contrat, le Client est autorisé à utiliser le Logiciel dans un format lisible par une machine, sur tous les ordinateurs désignés dans les installations du Client et parallèlement, à le stocker, le transmettre ou l'afficher sur les unités associées à ces ordinateurs désignés ; à utiliser les documents sous forme imprimée en soutien de l'utilisation du Logiciel et à copier ce format lisible par machine dans tout format lisible par un ordinateur ou tout format imprimé dans le but de disposer d'une quantité suffisante d'exemplaires en soutien de l'utilisation par le Client du Logiciel conformément aux dispositions du présent Accord. Aucun droit d'utiliser, d'imprimer, de copier ou afficher le logiciel et les documents connexes, en totalité ou en partie, n'est accordé par les présentes, sauf mention expresse contraire dans le présent Accord.

7. DURÉE. Le réglage de la date sur un ordinateur afin de permettre le fonctionnement d'un programme fourni par la Société avec une licence expirée sera considéré comme une violation du présent Accord. Le Logiciel vendu ou loué pendant une période de temps spécifique n'est valable que pour cette période.

8. PROPRIÉTÉ INTELLECTUELLE. Le Client reconnaît et accepte qu'il ne jouit pas du titre ni du droit de propriété pour toute propriété intellectuelle associée avec le Logiciel et toutes les versions ou des copies de celui-ci, y compris, mais sans s'y limiter, les marques de commerce, les droits d'auteur, les secrets commerciaux et/ou les brevets, déposés ou non. Dans la mesure où le Client, ses employés, sous-traitants, agents ou représentants développent des versions modifiées du logiciel, toute propriété intellectuelle associée avec n'importe quelle version ainsi modifiée appartiendra à la Société et le Client signera tous les documents nécessaires pour prouver cela. Client s'engage à indemniser la Société contre toute violation de la propriété intellectuelle de la Société associée avec le Logiciel, dans la mesure où cette violation est le résultat de toute conduite intentionnelle ou négligence du Client de l'un de ses employés, sous-traitants, agents, représentants, successeurs ou ayants-droits.

9. DIVERS. La Société n'est pas responsable des manquements à ses obligations en vertu du présent Accord pour des raisons indépendantes de sa volonté, y compris, sans limitation, les catastrophes naturelles, arrêts de travail, pannes de courant, actes terroristes et boycotts. Aucune action en justice, quelle qu'en soit la forme, découlant du présent Accord, ne peut être intentée par l'une des Parties plus de deux ans après l'origine de la cause. Cet accord est régi par les lois de l'État du Maryland. Le Client n'utilisera pas le programme MillComp pour fournir des services de compensation aux autres institutions sans l'accord écrit de la Société.

LE CLIENT RECONNAÎT QU'IL A LU CET ACCORD, LE COMPREND ET ACCEPTE D'ÊTRE LIÉ PAR LES TERMES ET CONDITIONS DE CET ACCORD. DE PLUS, LE CLIENT ACCEPTE QUE LA PRÉSENTE EST LA VERSION COMPLÈTE ET EXCLUSIVE DE L'ACCORD ENTRE LES PARTIES, ET QU'ELLE REMPLACE TOUTE PROPOSITION OU ENTENTE PRÉALABLE, ORALE OU ÉCRITE, ET TOUTE AUTRE COMMUNICATION ENTRE LES PARTIES À L'ÉGARD DE L'OBJET DU PRÉSENT CONTRAT.

Institution :

Signature du client :

Nom :

Fonction :

Date :

Adresse :

Numéro de téléphone, numéro de fax et adresse e-mail :